

日本進化学会 ニュース

Vol.11 No.2

November 2010



第12回東京大会報告 ...1

2010年度学会賞等 授賞理由...2

ポスター賞／高校生ポスター賞 報告...4

公開講演・シンポジウム・ワークショップ・夏の学校プログラム...6

大会報告記...12

2010年度日本進化学会 研究奨励賞受賞記...37
教育啓蒙賞受賞記...44

46... 事務局活動報告

46... 2009年度評議員会・総会 報告

52... 編集後記

表紙写真説明

アンコウ目・チョウチンアンコウ亜目に属するインドオニアンコウ (*Linophryne indica*) の標本 (千葉県立中央博物館蔵)。全長わずか数センチメートルしかない雌の腹部に矮小雄が寄生している。寄生した雄はやがて雌の体の一部となり、生殖機能だけが残ると言われている。チョウチンアンコウ類は外洋の深層 (海底から離れた1,000 m以深の深海) で160以上もの種に分化した。その想像を絶する多様な形態と生態は多くの人々の関心を集めてきたが、標本の稀少さもあり、系統進化の大枠がわかってきたのはつい最近のことである。詳しくは以下の文献を参照のこと。

Miya *et al.* 2010. Evolutionary history of anglerfishes (Teleostei: Lophiiformes): A mitogenomic perspective. *BMC Evolutionary Biology* 10:58.

第12回日本進化学会大会（東京大会）のご報告

大会委員長 岡田 典弘（東京工業大学）

2010年8月2日（月）から8月5日（木）までの4日間、第12回日本進化学会東京大会を東京工業大学大岡山キャンパスにて開催しました。猛暑にもかかわらず会員・非会員を合わせて558名の参加者にご来場いただき、大成功のうちに終わられたことを大変嬉しく思います。本大会ではシンポジウムとして地球の歴史と生命の進化をテーマとしたS1からS7までのセッションを大会期間中を通しておこないました。これは東工大ならではの企画として大いにご満足いただけたことと思います。またワークショップの企画はすべて公募制にし、ご応募いただいた中から選ばれた3つの国際ワークショップと14のワークショップを開催しました。多くの企画で国内外の著名な研究者を招聘していただき、どの会場でも参加者が多く、活発な議論がおこなわれました。また一般講演となる60演題の口頭発表および134演題のポスター発表は若手研究者や学生を中心とした演者が多く、活発な質疑応答が交わされました。一方、8月2日には一般公開のイベントとして、公開講演会および進化学夏の学校を開催しました。特に公開講演会では中学・高校生も含め約300名が参加し、学生の方々が積極的に質問するなど大盛況に終わったことは大変嬉しく思います。さらに高校生によるポスター発表「第5回ジュニア進化学」では13グループが非常に優秀な研究内容を発表しておりました。高校生によるポスター発表は年々増加傾向にあり、進化学の将来が大いに楽しみであります。このように本大会の企画がすべて成功裏のうちに終わられたのは、非常に多くの方々にご支援いただいたおかげであります。会員をはじめ大会に参加してくださった皆様、特に大会副委員長である丸山茂徳先生をはじめ大会実行委員の方々と、お手伝いくださった学生・研究員・事務員の皆様には膨大な時間を大会のために割いていただき、大変感謝しております。また共催していただいたグローバルCOE「地球から地球たちへ—生命を宿す惑星の総合科学—」、および、ご協賛いただいた企業には多大なるご支援を頂きました。さらに日本進化学会本部の皆様にも開催にあたって多くのご支援とアドバイスを頂きました。この大会に関わった全ての方々にこの場を借りて心より御礼申し上げます。

2010年11月

第12回日本進化学会大会収支決算

収入項目	確定金額（円）	支出項目	確定金額（円）
学会からの大会援助金	500,000	大会援助金返金	500,000
大会参加費・懇親会費	3,497,000	会場利用料	797,040
協賛・企業広告・展示	140,000	ポスター・要旨集製作	465,150
要旨集売上	31,500	謝金	394,000
利息	8	懇親会費	1,000,000
		郵送費	15,480
		雑費・消費税・手数料等	83,122
		日本進化学会大会運営資金	913,716
合計	4,168,508		4,168,508

2010年度学会賞等 授賞理由

選考委員長（会長） 斎藤成也

— 選考委員会の開催と選考結果の報告 —

【日時】2010年5月12日（水）14時～16時

【場所】UEDAビル6階（株）クバプロ

【出席】斎藤成也（会長：ゲノム進化学）

倉谷 滋（副会長：進化発生学）

田村浩一郎（事務幹事長：分子進化学）

遠藤一佳（評議員：無脊椎動物古生物学）

颯田葉子（評議員：分子進化学）

真鍋 真（評議員：脊椎動物古生物学）

慎重に選考した結果、下記の方々への授賞を決定しました。

【日本進化学会賞者】

● 西田 睦博士（東京大学大気海洋研究所・所長）

「魚類の進化に関する分子系統学的研究」

生物の系統関係は進化の理解はもとより、あらゆる生物研究において必要不可欠な礎をなすもので、それはダーウィンの「種の起原」に掲載された唯一の図が系統樹の概念図であったことや、「どんな生物現象も、進化を考えに入れられない限り理解することはでき意味を持たない」というドブジャンスキーの言葉を敷衍した「どんな進化現象も、系統を考えに入れられない限り理解することはできない」というエイビスの言葉に如実に表れている。

西田睦博士は、脊椎動物の根幹をなす魚類を中心とした水圏生物を対象にして、30年にわたって一貫して系統学的研究を行ってきた。系統関係とは遺伝子・ゲノムの伝達経路であるという考えに基づき、早くから分子レベルでの研究に取り組み、その結果、アユ、コイ、フナ、タウナギなど、日本を含む東アジアの多くの魚類の遺伝的集団構造、系統地理学的構造を解明し

てきた。西田睦博士は、これらの魚類の進化史に光を当てたことにより、日本の魚類系統地理学研究の現在の活況を導くために大きく貢献した。しかし、西田睦博士の魚類進化への興味は日本の魚類だけにはとどまらなかった。現在、進化研究の材料として脚光を浴びている東アフリカのシクリッドにもいち早く注目し、1991年には、タンガニカ湖に生息する12族全てを含む20種の間の遺伝的分化について、アロザイムを用いて解析し、その後の研究展開の基礎となった論文を公表した。近年は、ミトコンドリア全ゲノムデータを用い、魚類全体をカバーする包括的分子系統解析を行った。このような大分類群の包括的分子系統解析は被子植物と並び、世界に先駆けるものである。さらに得られた系統関係を基にして、魚類に特異的なゲノム重複を含む遺伝子進化・ゲノム進化の研究においても優れた成果を挙げている。以上の業績は進化学会賞授賞に十分値する。

追記：西田博士は、公益信託・進化学振興木村資生基金の木村賞も受賞されました。

【研究奨励賞受賞者】

● 田中幹子博士（東京工業大学大学院生命理工学研究科・准教授）

「脊椎動物の対鰭と四肢の進化に関する発生学的研究」

田中幹子博士は、脊椎動物の対鰭と四肢をモデルに、進化の過程における発生プログラムの変遷機構を理解することを目標として研究を行ってきた。これまでに、脊椎動物の体壁は背側と腹側に区画化されることで、その境界面に肢芽を位置づける分子機構が広く保存されていること、さらに背腹の区画化機構は対鰭を持たない無顎類で既に獲得されていることを報告した。

また、高等脊椎動物の体壁側板中胚葉には、肢芽領域のみならず、脇腹も含めて首から尾にまで、肢芽を形成する能力が存在していることを示し、首と肢芽の形成領域の境界を設定する分子機構も明らかにした。これらの研究成果をはじめ、対鰭から四肢への進化や対鰭形態の多様化を引き起こした発生プログラムの変遷機構についても、いくつかの重要な研究成果をあげている。以上の業績は日本進化学会研究奨励賞に十分値する。

【研究奨励賞受賞者】

● 北野 潤 博士（東北大学大学院生命科学研究科・助教）

「トゲウオ科魚類における種分化と適応進化の遺伝機構」

北野潤博士は、トゲウオ科魚類のイトヨをモデルにして、種分化や適応進化の分子遺伝機構を解明することを目指している。北野博士は、日本に生息する日本海型イトヨと太平洋型イトヨの間に働く生殖隔離機構の遺伝解析を行い、これら二型のイトヨは性染色体転座によって性染色体構造が分化していること、その領域に行動隔離に重要な求愛行動や雑種不妊の遺伝子が局在しているということを見つけた。これは、野外脊椎動物における生殖隔離機構の連鎖解析を行った初めての研究例であるにとどまらず、性染色体転座が種の形成に関わるという可能性を示唆する研究成果であり、高い評価を受けている。また、人為的な環境変化に対して、単一遺伝子のアリル頻度が変化することによって、わずか数十年の間に形態を急激に進化させたイトヨ集団を発見した。この成果は、人為的環境攪乱下での生物の適応機構という社会的注目を集める現象の遺伝機構を解明したとして高く評価されている。現在も、生理学など他分野を積極的に取り込みながら新しい進化生物学の潮流を生み出すことに挑戦しており、日本進化学会

研究奨励賞に十分値する。

【研究奨励賞受賞者】

● 重信 秀治 博士（基礎生物学研究所・特任准教授）

「ゲノム科学的アプローチによる共生の研究」

重信秀治博士は、共生ゲノム学を開拓し先駆的な研究を展開している。重信博士は、様々な共生の中でも、きわめて緊密な相互依存関係にある、アブラムシと共生細菌「プフネラ」の細胞内共生系を研究してきた。プフネラの全ゲノム塩基配列の決定は、絶対共生菌としては世界初のゲノム解析の成果であった。プフネラで示されたゲノムの縮小進化パターンは、その後次々と報告されている他の共生細菌にも見られ、共生ゲノム進化における共通原理を提示したものと評価される。さらに、アブラムシ国際ゲノムプロジェクトに中核メンバーとして参画し、アブラムシ全ゲノム解読にも大きく貢献した。栄養合成に関わる遺伝子レパートリーのプフネラとの相補性や不完全な免疫系など、宿主ゲノムからも共生の理解を深めることに成功した。共生器官のトランスクリプトーム解析結果もいち早く報告している。実験生物学とバイオインフォマティクスの相方を自家薬籠中のものとする、新しい時代を担う進化学者として日本進化学会研究奨励賞に十分値する。

【教育啓蒙賞受賞者】

馬場 悠男 氏（国立科学博物館・名誉館員）

「人類進化に関する教育・啓蒙活動」

馬場悠男氏は長年にわたり、主に化石などの人骨資料を比較した人類進化の研究を行ってきた。同時に教育啓蒙にも力を注ぎ、特に国立科学博物館の人類研究部長となつてからは、サイエンス・コミュニケーター養成講座に精力的に取り組んできた。その一方で、新書、学研まんが、NHKブックスなど、数々の啓蒙書の出版に

たずさわったほか、TV等にも積極的に出演し、人類の進化を中心とする生物進化の研究成果の啓蒙につとめた。これら一連の実績は、日本進化学会の教育啓蒙賞に十分値する。

付記：「日本進化学会学会賞と研究奨励賞および教育啓蒙賞に関する細則」第4条（賞の選考）第1項（選考委員会）の規定によれば、選考委

員会は、会長、副会長、幹事、および会長が指名した評議員3名の計6名から構成される。この規定にしたがって、今回の6名の選考委員を会長が選出した。ただ、評議員が20名しかいないため、研究分野のバランスを考えた選考委員の選出が簡単ではなかった。今後、この細則の改正を考えていきたい。

2010年度 大会ポスター賞

これまでは、大会実行委員会の意向を尊重し、昨年札幌大会のように、ポスター賞のない年もありました。今年度から年次大会でのポスター賞選考は学会本部が運営し、必ず授賞することになりました。ただ、十分な準備ができなかったため、審査委員は学会役員中心となりました。審査委員は池尾一穂（庶務幹事）、岩瀬峰代（会員）、倉谷滋（副会長）、斎藤成也（会長）、佐々木顯（会計幹事）、田村浩一郎（事務幹事長）の6名で、各審査委員がよい発表だと考えた10件について記名投票を行いました（高校生ポスターを除く）。その結果、6名の審査員中4名が投票した1件を最優秀賞に、6名の審査員中3名が投票した3件を優秀賞としました。なお、審査委員が共著者となっている発表については、その審査委員は投票はしていません。

◆ 最優秀ポスター賞

[P2-10] 脊椎動物ファイロタイプは原形論的な幻想か？

入江直樹・倉谷滋（理研CDB）

◆ 優秀ポスター賞（3件）

[P1-45] 感染性体色変化！：昆虫の体色を変える共生細菌の発見と機構の解析

土田努¹・古賀隆一²・Jean-Christophe Simon³・堀川美津代⁴・角田鉄人⁴・眞岡孝至⁵、松本正吾¹、深津武馬²（¹理研、²産総研、³INRA、⁴徳島文理大、⁵生産開発研）

[P1-61] 現生マラリア原虫の起源での急速な多様化（マラリアビッグバン）

早川敏之^{1,2}、橘真一郎²、有末伸子³、彦坂健児²、堀井俊宏³、田邊和祐²（¹京大・霊長類研、²阪大・微研・マラリア学、³阪大・微研・分子原虫）

[P2-10] 枯葉に擬態した蛾・蝶の翅模様に見られるグラウンドプランと機能的な統合

鈴木誉保・倉谷滋（理研・CDB・形態進化）

2010年度 ジュニア進化学 高校生ポスター賞

今年度の高校生ポスター発表は13件でした。その過半数にあたる7件は青森県立名久井農業

高等学校からのものでした。このほか、秋田県、茨城県、神奈川県、静岡県、京都府、愛媛県の

高校から各1件の応募がありました。日本のあちこちから来ていただいたこととなります。

審査委員は、倉谷滋(副会長)、斎藤成也(会長)、颯田葉子(会員)、田村浩一郎(事務幹事長)の4名でした。今年も発表内容のレベルが高く、大学の卒業研究のレベルに匹敵する塩基配列の解析や、新聞にも取り上げられて話題になった発見など、興味深い発表がありました。

◆ 最優秀賞 (4件)

[HP-1] お茶の抗菌作用の秘密を探る

高橋さゆり・松本美穂・松本唯

(秋田県立秋田南高等学校)

[HP-2] いろいろな光合成微生物の、見かけの光合成速度

筑地美友・花村琴子・鍋田志織・筑地悠妃

(静岡県立静岡農業高等学校)

[HP-5] TPI遺伝子の比較から考えるイントロンの獲得と消失

石野響子

(桐蔭学園高等学校)

[HP-13] 岡山県真鍋島産イガイからの天然真珠の発見と真珠形成の要因

南さくら・小宮陽介・池田朋加・出来碧・宮崎乃理子・坂本悠輔・水野脩平・辻井英倫子・青山大志・辻貴行

(立命館宇治中学校・高等学校)

◆ 優秀賞 (5件)

[HP-4] ドジョウ4種の行動的特徴と形態的特徴の関係

山田裕貴・道内真輝・瀧山勇平・川中寅生・石丸真也・三宅泰貴・西原佑亮・弓立湧也

(愛媛大学附属高等学校)

[HP-8] Brzによるコマツナの硝酸イオン濃度の低減化

市沢理奈・荒谷優子・中山歩美・若本佳南・赤石讓二・西塚真・山田大地

(青森県立名久井農業高等学校)

[HP-10] 緑色光照射による「夏秋いちご」の病害抵抗性の評価

野田政樹・大久保雄斗

(青森県立名久井農業高等学校)

[HP-11] ソバを用いた畑地雑草の防除の可能性～ソバが持つアレロパシー効果の検証

佐々木慧・沖田裕基・大嶋和輝・小谷尚史・稲垣美月・西舘香織・沼畑和恵

(青森県立名久井農業高等学校)

[HP-12] 生分解性プラスチック分解菌の探索

亀田妃香留・番屋美香・椛澤美咲・島守由香・風張利香

(青森県立名久井農業高等学校)

◆ 敢闘賞 (4件)

[HP-3] 進化の実験室 ガラパゴスを見る

菅野敦史・人見早紀・横田麻梨子・根本征・久保村俊己・横田俊輝・安藤円・茂木志歩・中川西彩菜・河野寛之・門脇紳修

(清真学園高等学校)

[HP-6] ブラシナズールによる長日植物の開花促進

中山歩美・荒谷優子・市沢理奈・若本佳南・赤石讓二・西塚真・山田大地

(青森県立名久井農業高等学校)

[HP-7] 赤色光によるストックの伸長制御

荒谷優子

(青森県立名久井農業高等学校)

[HP-9] レタス栽培における光の効果的利用法

若本佳南・荒谷優子・市沢理奈・中山歩美

(青森県立名久井農業高等学校)

(文責：斎藤成也)

公開講演・シンポジウム・ワークショップ・夏の学校プログラム

公開講演会

「新しい生命観：宇宙から日本国家誕生まで」

8月2日(月) 12:20～16:00 S会場

- 【OL-1】 シーラカンスが日本に来るまで
岡田典弘 (東工大)
- 【OL-2】 日本人漢民族説と日本国家の誕生
丸山茂徳 (東工大)
- 【OL-3】 恐竜における性的淘汰圧を考える
平山廉 (早稲田大)
- 【OL-4】 新しい地球観；宇宙が地球の気候、火山噴火、地震、生命進化を支配する
戎崎俊一 (理研)

シンポジウム

S1 先カンブリア時代の地球と生命進化—1—

8月3日(火) 9:00～12:00

- 【S1-1】 新しい生命進化論；概観
丸山茂徳、岡田典弘 (東工大)
- 【S1-2】 太陽系の構造と起源
小久保英一郎 (国立天文台)
- 【S1-3】 太古代・原生代の生命進化と古環境：地質記録からの推定
上野雄一郎 (東工大)

S2 先カンブリア時代の地球と生命進化—2—

8月3日(火) 13:00～16:00

- 【S2-1】 後生動物出現と進化：三段階進化と対照的な表層環境
小宮剛 (東大)
- 【S2-2】 多細胞動物進化・初期の謎
大野照文 (京大総合博物館)
- 【S2-3】 ゲノムからメタゲノムへ
黒川顕 (東工大)

S3 カンブリア紀およびそれ以降の地球と生命進化

8月3日(火) 16:30～19:30

- 【S3-1】 Top ten hypotheses of evolutionism and a new hypothesis on nature of Cambrian explosion

Degan Shu (西北大学)

【S3-2】 脊索動物の起源と進化：脊索はどのようにして生まれたのか

佐藤矩行 (OIST)

【S3-3】 Phylogenomic reconstruction of the Tree of Life

長谷川政美・米澤隆弘 (復旦大)

S4 動物と植物の誕生

8月4日(水) 9:00～12:00

- 【S4-1】 植物の系統と発生進化
長谷部光泰 (基生研)
- 【S4-2】 ゲノムが読み解く生物の共通性と多様性—神経システムの進化—
五條堀孝 (遺伝研)
- 【S4-3】 銀河からゲノムまで；新しい生命進化論の提案
丸山茂徳 (東工大)

S5 生命進化と大量絶滅の役割

8月4日(水) 13:00～16:00

- 【S5-1】 大量絶滅研究：新たな挑戦
磯崎行雄 (東大)
- 【S5-2】 危機から生まれた哺乳類
岡田典弘 (東工大)
- 【S5-3】 Recent advances in research on avian origins
Xing Xu (Chinese Academy of Sciences)

S6 有羊膜類から人類誕生まで

8月5日(木) 9:00～12:00

- 【S6-1】 中-新生代の大陸移動と爬虫類の進化
熊澤慶伯 (名市大)
- 【S6-2】 大陸移動と哺乳類の進化
西原秀典・丸山茂徳・岡田典弘 (東工大)
- 【S6-3】 人類の進化と文明史
馬場悠男 (科博)
- 【S6-4】 系外惑星学の新展開：スーパー地球
生駒大洋 (東工大)

S7 宇宙から地球を探す

8月5日(木) 13:00～16:00

【S7-1】 地球型系外惑星大気の組成と外部からの観測について

中本泰史、上野雄一郎、生駒大洋（東工大）

【S7-2】 第二の地球の色：系外惑星リモートセンシングに向けて

須藤靖（東大）

【S7-3】 総合討論

丸山茂徳（東工大）

国際ワークショップ

IWS1 Evolving shapes and development viewed from changes in gene regulations:

Part 1

企画者：倉谷滋（理研CDB）・田中幹子（東工大）

8月4日（水）9:00～12:00

【IWS1-1】 Changes in gene regulations for evolutionary novelties in vertebrates

S. Kuratani (RIKEN CDB)

【IWS1-2】 The origin and evolution of the cranial sensory organs and pituitary: evidence from basal chordates

T.G. Kusakabe (Konan University)

【IWS1-3】 Evolution of the BI-valve bodyplan

H. Wada, K. Kin, Y. Kurita, N. Hashimoto
(University of Tsukuba)

【IWS1-4】 Different mechanisms of dorsoventral axis formation between the fly *Drosophila* and the spider *Achaearanea*

Y. Akiyama-Oda, H. Oda (JT Biohistory
Research Hall)

【IWS1-5】 Co-option of a conserved gene regulatory module during the evolution of flat outgrowths in arthropods

Y. Shiga (Tokyo University of Pharmacy and
Life Sciences)

【WS1-6】 The early embryogenesis of *Polypterus* (bichirs) : Insights into the origin and evolution of vertebrate body plans

M. Takeuchi (RIKEN CDB)

IWS2 Evolving shapes and development - viewed from changes in gene regulations:

Part 2

企画者：倉谷滋（理研CDB）・田中 幹子（東工大）

8月4日（水）13:00～16:00

【IWS2-1】 Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers

S. Aota, F. Sugahara, S. Kuratani (RIKEN CDB)

【IWS2-2】 Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between *canopy1* and *engrailed2*

H. Kakinuma¹, Y. Hirate², S. Trowbridge³,
M. Aoki¹, T. Yano⁴, H. Aono⁵, K. Tamura⁴,
H. Okamoto¹ (¹RIKEN BSL, ²RIKEN CDB,
³Harvard University, ⁴Tohoku University,
⁵National Center for Stock Enhancement)

【IWS2-3】 Evolution of vertebrate paired appendages

M. Tanaka (Tokyo Institute of Technology)

【IWS2-4】 Vertebrate heart evolution—Molecular mechanism of cardiac septum formation

K. Koshihara-Takeuchi (University of Tokyo)

【IWS2-5】 Evo-Devo of amniote ectodermal organs

C. -M. Chuong (University of Southern California)

IWS3 Perspectives of evolutionary studies of organisms from the viewpoint of genomic structure and function

企画者：五條堀孝（遺伝研）

8月5日（木）9:00～12:00

【IWS3-1】 Resequencing of entire major histocompatibility complex regions to identify haplotype structure

K. Hosomichi, T. Shiina, S. Suzuki,
I. Inoue, H. Inoko (Tokai University)

【IWS3-2】 The evolutionary origin of isochores: some new facts, some new ideas

G. Bernardi (Stazione Zoologica Anton Dohrn)

【IWS3-3】 New regulatory mechanism found through transcriptome analysis

Y. Hayashizaki (RIKEN)

【IWS3-4】 Transcriptome analysis and Informatics for the data of next gen sequencers

K. Ikeo (National Institute of Genetics)

【IWS3-5】 Diversity and evolution of human alternative splicing

T. Imanishi

【IWS3-6】 The sleeping chironomid: a model organism for understanding the origin of anydrobiosis in insects and the effect of extreme desiccation on mitochondrial and nuclear genomes

O. Gusev, R. Cornette, T. Kikawada and T. Okuda
(National Institute of Agrobiological Sciences)

ワークショップ

WS1 性(せい)か雌(し)か・・・それが問題だ！～有性生殖と無性生殖を行き来する生物から性の進化を考える～

企画者：木村 幹子(東北大)・箱山洋(中央水研)
8月3日(火) 9:00～12:00

【WS1-1】 フナ類の有性・無性集団の遺伝子交流
箱山洋(中央水研)

【WS1-2】 無融合生殖するタンポポが遺伝的多様性を創出するメカニズム
保谷彰彦(東大院総合文化)

【WS1-3】 両性生殖集団と単為生殖集団をもつ昆虫・オオシロカゲロウの繁殖システムと単為生殖集団の起源

関根一希¹・林文男²・東城幸治³
(¹信州大院、²首都大、³信州大理)

【WS1-4】 プラナリア有性・無性生殖転換機構の解明に向けて：有性化実験系と幹細胞移植
野殿英恵(慶大院理工)

【WS1-5】 一代限りで使い捨てられる父親ゲノム：アイナメ属の雑種で見られた半クローン生殖の進化的意義

木村幹子(東北大)

WS2 利己者と利他者の絶滅回避をめぐる適応動態

企画者：吉村仁(静岡大学)
8月3日(火) 9:00～12:00

【WS2-1】 みんな疲れるので、働かないアリがいる非効率的なシステムはより長く続く
長谷川英祐・小林和也・石井康規・多田絃一郎(北大院)

【WS2-2】 アミメアリにおける裏切り系統の長期存続：他コロニーへの侵入戦略
土畑重人(琉球大)

【WS2-3】 生物における共生進化のダイナミクス
吉村仁・成相有紀子(静大院)

【WS2-4】 共生系個体群動態の基本モデル
秦中啓一・小林和幸・比嘉慎一郎(静大)

WS3 生態適応と形質分化

企画者：小沼順二・山本 哲史(京大院)

8月3日(火) 13:00～16:00

【WS3-1】 好き嫌いで生じるテントウムシの適応放散○

松林圭¹・Sih Kahono²・片倉晴雄¹
(¹北大院・²LIPI)

【WS3-2】 生態的種分化はAdaptive Dynamics理論で：生態的形質が進化的に分岐する条件と複数形質への拡張について

伊藤 洋¹・Ulf Dieckmann²(¹国環研・²IIASA)

【WS3-3】 ヤマハッカ属(シソ科)における送粉者相に応じた形態的・遺伝的分化

堂園いくみ¹・牧雅之²・鈴木和雄³
(¹神戸大・²東北大・³徳島大)

【WS3-4】 クロテンフユシャクの初冬型と晩冬型の進化

山本哲史¹・E.A. Beljaev²・曾田貞滋¹
(¹京大院・²ロシア科学アカデミー)

【WS3-5】 昆虫の求愛音・擬死音の変異とその遺伝的基盤：量的遺伝学的アプローチによる解明

立田晴記(琉球大)

【WS3-6】 適応進化した東アフリカ湖産シクリッドの形態

藤村衛至^{1,2}・岡田典弘²・Thomas D. Kocher¹(¹メリーランド大・²東工大)

WS4 メタゲノム/メタトランスクリプトームが明らかにする生物多様化メカニズム

企画者：池尾一穂(遺伝研)・小倉淳(お茶大)
8月3日(火) 13:00～16:00

【WS4-1】 メタゲノム・メタトランスクリプトームの現在と未来

池尾一穂(遺伝研)

【WS4-2】 次世代シーケンサーを用いたヒト腸内細菌叢メタゲノミクス

服部正平・大島健志朗・金錫元(東大新領域)

【WS4-3】 メタゲノム解析により明らかになった微生物の芳香環分解遺伝子の環境適応戦略

末永光・宮崎健太郎(産総研)

【WS4-4】 海産浮遊性プランクトンの次世代シーケ

NS網羅解析による生物多様性比較

長井敏¹・西谷豪¹・野口大毅²・阿部和雄¹
(¹水研セ・²日本総合科学)

【WS4-5】比較トランスクリプトーム解析に向けたマイクロアレイ設計の提案

瀬々潤 (お茶大)

【WS4-6】比較トランスクリプトーム解析によるタンパク質間相互作用ネットワークの機能モジュールの大域的構造および進化プロセス

荻島創一 (東京医歯大)

【WS4-7】イネの次世代シーケンシングから見る多様性

伊藤剛・川原善浩・田中剛・坂井寛章・脇本泰暢・松本隆 (農業生物資源研)

【WS4-8】比較トランスクリプトームによる軟体動物の眼の多様化プロセス解析

小倉淳 (お茶大)

【WS4-9】チンパンジー親子トリオトランスクリプトーム解析による遺伝子発現制御機構の解明

郷 康広¹・西村理¹・豊田 敦²・藤山秋佐夫^{2,3}・阿形清和¹ (¹京大・²遺伝研・³情報研)

WS5 統計的方法論の最前線

企画者：下平英寿 (東工大)

8月3日(火) 16:30～19:30

【WS5-1】葉緑体ゲノムデータによる分子系統樹解析に潜むいくつかの問題点

長谷川政美・B. Zhong・米澤隆弘・Y. Zhong (復旦大)

【WS5-2】分子進化のベイズ推定

岸野洋久 (東大院)

【WS5-3】配列進化の統計的モデル

徐泰健 (東大)

【WS5-4】集団遺伝の確率モデル

間野修平¹・杉山真也²・田中靖人³・溝上雅史²
(¹統数研・²国際医療研究センター・³名市大)

【WS5-5】系統樹推定におけるブートストラップ法
下平英寿 (東工大)

WS6 ゲノムから見る微生物進化

企画者：本郷 裕一 (東工大)・中鉢 淳 (理研)

8月3日(火) 16:30～19:30

【WS6-1】アーキアゲノムにおけるtRNA 遺伝子の多様性と進化

藤島皓介・菅原潤一・富田勝・金井昭夫 (慶大)

【WS6-2】原核生物における蛋白質の翻訳開始機構

の進化

中川草¹・新村芳人²・三浦謹一郎³・五條堀孝¹
(¹遺伝研・²東医歯大・³東大)

【WS6-3】宿主昆虫と必須共生細菌のゲノム進化
中鉢 淳 (理研)

【WS6-4】必須腸内共生細菌の比較ゲノムから見るマルカメムシ類の食物利用の進化

二河成男¹・細川貴弘²・大島健志朗³・服部正平³・深津武馬² (¹放送大・²産総研・³東大)

【WS6-5】ゲノムから見るシロアリ腸内原生生物細胞内共生細菌の機能と進化

本郷裕一 (東工大)

【WS6-6】複製によって形成されたバクテリアゲノム構造の解析

荒川和晴 (慶大)

WS7 全ゲノム配列時代の進化研究

企画者：三沢計治 (理研)

8月4日(水) 9:00～12:00

【WS7-1】スーパーコンピュータを利用した全ゲノム規模の大量データ解析について

三沢計治 (理研)

【WS7-2】次世代シーケンサーを用いた染色体特化型ゲノム解析

黒木陽子¹・西田有一郎²・近藤伸二¹・新井理³・江端俊伸³・小原雄治³・豊田敦³・藤山秋佐夫^{3,4}
(¹理研・²東北大・³遺伝研・⁴情報研)

【WS7-3】マルチローカスデータを用いた進化生態学的研究

長田直樹 (遺伝研)

【WS7-4】クジラの高精度配列を使った、ヒトゲノム、ウシゲノム、イヌゲノムとの比較解析研究

野口秀樹 (東工大)

WS8 大規模解析から見てきた遺伝子重複による進化 ～多様性、頑健性、必須性～

企画者：花田耕介 (理研)・牧野能士 (東北大)

8月4日(水) 9:00～12:00

【WS8-1】重複遺伝子の冗長性と異機能性

花田耕介 (理研)

【WS8-2】硬骨魚のオプシン遺伝子群の遺伝子重複とその適応的役割

五條堀淳 (総研大)

【WS8-3】脊椎動物嗅覚受容体遺伝子ファミリーの進化—環境に応じて変化するゲノム—

新村芳人 (東医歯大)

【WS8-4】 遺伝子量の増加に対する酵母細胞のロバストネス

守屋央朗 (岡山大)

【WS8-5】 全ゲノム重複により生じた重複遺伝子の保持機構と疾患との関連

牧野能士¹・Aoife McLysaght²

(¹東北大・²Trinity College)

【WS8-6】 遺伝子多重化が表現型に及ぼす効果についてのパスウェイシミュレーションを用いた検討

佐藤行人 (遺伝研)

【WS8-7】 重複遺伝子の進化における遺伝子変換の影響

手島康介 (総研大)

【WS8-8】 新規に生じた重複遺伝子の運命に及ぼす有害突然変異の効果

田中健太郎 (総研大)

WS9 ヒトはなぜ病気になるのか～進化学の目で見る新たなアプローチ

企画者：太田博樹 (北里大)

8月4日(水) 13:00～16:00

【WS9-1】 病気はなぜあるのかー進化生物学からの視点

長谷川眞理子 (総研大)

【WS9-2】 低頻度有害変異と疾患遺伝子関連研究

大橋順 (筑波大)

【WS9-3】 クローン病アレルの地域特異性とその進化学的考察

中込滋樹 (北里大)

【WS9-4】 ウイルスとヒトの進化

間野修平¹・杉山真也²・田中靖人³・溝上雅史²

(¹統数研・²国際医療研究センター・³名市大)

【WS9-5】 統合失調症の原因を進化学的手法で探る

柴田弘紀 (九大)

WS10 ゲノム進化学の新展開

企画者：鈴木善幸 (遺伝研)

8月4日(水) 13:00～16:00

【WS10-1】 ゲノム進化学の新展開

鈴木善幸 (遺伝研)

【WS10-2】 脊椎動物ゲノム重複遺伝子解析で発見された起源が古いcis-elementの機能と進化

隅山健太 (遺伝研)

【WS10-3】 イネ属近縁種の比較ゲノム進化解析

伊藤剛・坂井寛章・楊静佳・松本隆

(農業生物資源研)

【WS10-4】 植物オルガネラにおけるRNAエディティング：タンパク質立体構造との関係とエディティング部位の予測

由良敬・郷通子 (お茶大)

【WS10-5】 モウコノウマの遺伝的多様性と分子系統解析

後藤大輝 (ペンシルバニア州立大)

【WS10-6】 哺乳類誕生以前のカゼイン遺伝子の進化：カルシウムを多く含むミルクの起源

川崎和彦 (ペンシルバニア州立大)

WS11 生命の起原と初期進化：地質学、地球化学、生化学、分子進化学からのアプローチ

企画者：山岸明彦 (東薬大)・木賀大介 (東工大)

8月5日(木) 9:00～12:00

【WS11-1】 宇宙での円偏光と鏡像異性体の起源

田村元秀^{1,2}・福江翼¹・神鳥亮¹

(¹国立天文台・²総研大)

【WS11-2】 生命の「種」は宇宙から届けられたのか：準パンスペルミアの検証

小林憲正 (横国大)

【WS11-3】 自律的に成長・分裂する脂質膜

豊田太郎 (東大)

【WS11-4】 核酸塩基の起源-人工塩基対の創出

平尾一郎 (理研)

【WS11-5】 遺伝暗号の起源と初期進化を考察するための改変遺伝暗号の構築

網蔵和晃・小林晃大・木賀大介 (東工大)

【WS11-6】 生命の起原と初期進化：遺伝情報から何がわかるか

山岸明彦 (東薬大)

WS12 生態ー進化ー発生 (Eco-Evo-Devo) の階層を結ぶ統合的理解へー生命システムのもつ'やわらかさ'との邂逅

企画者：鈴木誉保 (理研)・金子 邦彦 (東大)

8月5日(木) 9:00～12:00

【WS12-1】 可塑性と遺伝的同化のゆらぎ理論

金子邦彦 (東大)

【WS12-2】 遺伝子発現の適応

四方哲也 (阪大)

【WS12-3】 節足動物門における体節形成の進化：ピコイド対ヘッジホッグ

小田広樹・金山真紀・秋山-小田康子
(JT生命誌研)

【WS12-4】 個体の可塑性がもたらす形質淘汰：捕食者-被食者系で考える

岸田治 (北大)

【WS12-5】 枯葉に擬態した蛾・蝶の翅模様に見られるグラウンドプランと形態統合

鈴木誉保、倉谷滋 (理研)

WS13 進化発生学の新たな地平をめざして

企画者：和田洋 (筑波大)・三浦徹 (北大)

8月5日(木) 13:00~16:00

【WS13-1】 パラログ形成にともなうシス調節機構の進化

荻野 肇・越智陽城 (奈良先端大)

【WS13-2】 多細胞動物の体制進化の比較ゲノム学
川島武士 (OIST)

【WS13-3】 表現型可塑性に見られる発生生理機構のコオプシオン

三浦徹 (北大)

【WS13-4】 進化的キャパシターの探索：候補遺伝子アプローチとゲノムワイドスクリーニング

高橋一男 (岡山大)

【WS13-5】 酵素活性の変化と生活史の進化：コレステロール代謝酵素 Neverland を例として

丹羽隆介 (筑波大)

WS14 Phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies

企画者：中尾央 (京大)・三中信宏 (農環研)

8月5日(木) 13:00 ~ 16:00

【WS14-1】 A brief history of phylogenetic methods in cultural evolutionary studies: An introduction

H. Nakao (Kyoto University)

【WS14-2】 The roots of cultural phylogenetics and the universal tree-thinking

N. Minaka (National Institute for Agro-Environmental Sciences)

【WS14-3】 Using phylogenetic comparative methods to test hypotheses about the pattern and process of human cultural evolution

Tom Currie (University of Tokyo)

【WS14-4】 Phylogenetic approach to “Wakuraba (老葉)” —an anthology of “Renga” by Sohgi

T. Yano (Doshisha University)

【WS14-5】 Analyzing the development and evolution/origins of potpourri elements of 19th century Japanese Giyofu (pseudo western style) architecture using G. Kubler's

R. Nakatani (Waseda University)

進化学・夏の学校

SS1 新しい分子系統解析論：データ作成から祖先形質復元まで

企画者：田村浩一郎 (首都大)

8月2日(月) 13:00~16:00

【SS1-1】 MEGA5による分子進化・分子系統解析
田村浩一郎 (首都大)

【SS1-2】 データセットの作成と仮説検定、分岐年代推定法概論

田辺晶史 (筑波大)

【SS1-3】 分子系統樹を用いた比較法と祖先形質復元：膨大な生物多様性情報を活用するために

奥山雄大 (科博)

SS2 進化教育 夏の学校

企画者：嶋田正和 (東大)・

中井咲織 (立命館宇治中高)

8月2日(月) 17:00~20:00

【SS2-1】 新学習指導要領での進化の扱い

嶋田 正和 (東大)

【SS2-2】 ゲノム科学・進化学の進展と高校生物教育の改変

松浦克美 (首都大)

【SS2-3】 教育現場は変わるか? —『現代化した高校生物』と『進化生物学』は理解されているか—

早崎博之¹・鍋田修身²・白石直樹³

(¹都立江北高・²都立豊島高・³都立墨田川)

【SS2-4】 高校生物における進化の理解のしかたと教え方

中井咲織 (立命館宇治中高)

【SS2-5】 授業で使える生徒実験の提案—自然選択を学ぶ教材 origami bird と MEGA を使った分子系統樹の作成—

山野井貴浩 (白鷗大足利高)

【SS2-6】 ポスドクのキャリアパス—進化学のサポーターを養成するしごと—

田中秀二 (府立洛北高)

大会報告記

大会全体についての報告

大会実行委員の立場から、本大会の運営について簡単にまとめましたので報告致します。

実行委員会：岡田典弘が大会実行委員長、丸山茂徳が副委員長。平成21年の暮れ頃から長津田キャンパスの岡田研究室のメンバー（岡田典弘、西原秀典、寺井洋平、二階堂雅人、梶川正樹）で各自の役割分担を決め、意思伝達の迅速性、機動性を考えて、殆どの雑用を研究室内で行うことを確認。他に黒川顕、太田啓之の応援を頼む。具体案を纏めて、その後大岡山の教官に協力を要請、何回か大岡山で委員会を開催。特に丸山茂徳とは頻りに打ち合わせ。その他、井田茂、下平英寿、磯崎行雄、中本泰史の協力を得る。

大会会場：今大会は大きく4つの建物にておこなわれた。24時間シンポジウムは東工大の新しいトレードマークともいべきTTF（Tokyo Tech Front）、夏の学校・国際ワークショップはデジタル多目的ホール、ワークショップ・一般口頭発表は西5・6号館、そしてポスター発表は東工大百年記念館である。猛暑の中、広い構内を行き来するのは大変であったが、それはそれで東工大キャンパスの良い宣伝になったかもしれない。

大会ホームページ：本大会では大会告知やワークショップの企画公募などを最初からホームページを通しておこないたいと考え、大会5ヶ月前となる3月上旬にホームページを開設し、必要な情報は随時更新してきた。日本語はもちろん英語版も用意し、見やすさと分かりやすさを重視したつもりである。PDF版の要旨集を大会前にダウンロードできるようにしたが、ホームページにも講演タイトル等をすべて掲載しており、それを見れば大会内容がすぐ分かるサイトになるよう心がけた。

大会プログラム：本大会では、地球の歴史と生物進化についての公開講演会とシンポジウムを24時間、ワークショップを14企画、国際ワークショップを3企画、夏の学校を2企画、一般口頭発表、一般ポスター発表、高校生ポスター発表を行うこととした。共通のテーマにより企画されたシンポジウム、英語に統一した国際ワークショップ、60演題あった

一般口頭発表が本大会では特徴的であった。これらのプログラムを東工大岡山キャンパスの6会場にて行った。

夏の学校：「進化学・夏の学校」は、進化学の普及啓蒙及び教育を目的として開催される進化学の入門コースである。本大会では学会員の研究にすぐに活かすことのできる「実践編」と教育啓蒙活動に役立つ「教育編」を行いたいと考えた。そこで実践編では大学院生をはじめとした若い研究者を対象に分子系統解析の実践方法の紹介について講演が行われた。教育編は当初ワークショップに申し込みのあった進化教育についての企画を進化教育夏の学校として行うこととし、これまでの進化教育の問題点やこれからの進化教育について討論が行われた。

公開講演会：公開講演会は8月2日の午後よりTokyo Tech Frontくらまえホールにて開催され、幅広い分野から4名の著名な研究者が講演した。入場無料の公開イベントであったため、中高生や一般の方々も含めて300名以上が出席するという盛況な講演会となった。質疑応答の時間には学生からの質問も多く見られ、最前線の研究活動を伝える教育啓蒙活動として非常に有意義であったと考えている。それだけに事前周知にもっと力を入れておきたかったというのが心残りでもある。

シンポジウム：シンポジウムはS1～S7までの企画を3日間にわたって開催した。公開講演会（S0）を含めると合計24時間超のシンポジウムである。会場は公開講演会と同じく、Tokyo Tech Frontくらまえホールを使用した。会場の前に大会本部があったため、受付を済ませた後、最初にシンポジウム会場へ入る参加者が多かったように思われる。ただし一般口頭発表やワークショップ会場からは遠い場所であったため、暑い中で会場間を移動しづらかったかもしれない。

ワークショップと国際ワークショップ：本大会ではワークショップ企画の申し込みが数多くあった。そこでなるべく多くの企画を行うことができるように、英語のワークショップをまとめた「国際ワークショップ」を新たに作り3企画の講演が行われた。これらの講演には海外からの著名な研究者による講演もあり参加者が熱心に聴講していた。一般ワークショップも企画の採用数を増やすために枠を2つ増設し、14企画の講演が行われた。ワークショップは一般、国際ともに参加者の多い会場となった。

口頭発表：本大会では希望者から選出された60名が口頭発表をおこなった。内容としては発生、系

統、分子進化、バイオインフォマティクスなど多岐にわたるものであった。会場として広い講義室を用意したが、それでも大勢の聴衆が集まる時間帯もあり大いに盛況であったと言える。過去の大会ではポスター発表がメインとなることが多かったが、今回、若手を中心とした多くの会員に口頭発表の機会を与えられたことは非常に良いことであった。最後に、多忙の中で快く座長を引き受けてくださった方々にはこの場を借りて感謝を申し上げたい。

ポスター発表と高校生ポスター：夏に行われる日本進化学会大会でポスター会場といえば、「狭い、暑い、歩きづらい」という印象があった。そこで本大会では少しでもポスター会場が快適であるようにガラス張りで大井の高い東工大百年記念館の1階をポスター会場とし、なるべくゆとりがあるようにポスターボードの配置を行った。一般ポスター発表134演題と高校生ポスター発表13演題の発表があったため、1度にすべてのポスターを貼ることができず、大会日程の前半、後半に分かれて発表を行った。一般、高校生のどちらのポスターにおいても熱心な発表と討論が行われた。

企業・団体展示：協賛企業と企業展示の募集は5月より行った。しかし昨今の不景気の影響からか企業からの展示、広告に関する申し込みは少なく、多くの企業に大会側から協力をお願いする形となった。大会前までの申し込みは企業展示が5件、協賛が2件、要旨集広告が6件となった。とくに今後の進化研究にも大いに貢献すると思われる新型 DNA シーケンサーを開発している企業、大量情報を解析するソフトウェア開発をしている企業から、協賛、展示、広告など多面的な協力を頂けたことは、進化研究が新しい時代に突入したことを感じさせるものであった。

懇親会：懇親会は東工大食堂（通称“新食堂”）にておこなわれた。学会員各人がよりスムーズに交流を深めていただく目的で、柱が少なく大きな台を囲めるシンプルな会場を選んだ。岡田典弘大会委員長の挨拶、丸山茂徳副委員長の乾杯で懇親会が始まり、斎藤成也会長にもご挨拶していただいた。懇親会が始まると会場は予想以上の満員状態となり、まさに肌が触れ合うほどの距離で狭いながらも楽しく親睦を深めていただけたのではないかと思う。

大会参加者数：大会参加者は7月2日以前の早期登録者数が256名（学生会員97名、一般会員134名、非会員25名）、大会直前までの登録者総数が404名（学生会員129名、一般会員199名、非会員

76名）、当日参加者数が110名（学生会員17名、一般会員36名、非会員57名）であった。また高校生ポスターの発表者の参加も別枠であり、参加者総数は558名（学生会員146名、一般会員235名、非会員133名、高校生ポスター44名）であった。

反省点など：ゆとりをもって講演を聴くことができるように収容人数の多い会場を使用したため、会場と会場の距離が少し離れ、参加者が暑い中歩くことになってしまった。また、なるべく多くの企画を行うことができるようにワークショップの発表枠を増やしたため、ワークショップと一般ポスター発表の時間帯が重なってしまった。ポスター発表を前半後半に分けてしまったため、全日程参加しない人はすべてのポスターを見ることができなくなってしまった。受付のある「S会場」が東工大の正門の外にあったため、事前に受付の位置を確認してない参加者に迷っている人が多数いた。受付において「参加費が高い」との声が多く聞かれた。

（文責：西原、寺井、二階堂、岡田）

公開講演会とシンポジウム

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

今年の日本進化学会大会は大会委員長が岡田典弘、副委員長が丸山茂徳で行われた。岡田と丸山は相談の結果、大会主催者が企画する今回の公開講演会・シンポジウムは、統一的に「24時間シンポジウム」としてひとつのテーマの下に組織することとした。従来、3時間の公開講演会とそれぞれ3時間の7つのシンポジウムは、3日間の大会期間中（公開講演会を入れると4日間）で様々なテーマで統一されること無く、期間中にバラバラに配置されるのが常であったが、今回はテーマを一つに絞り同一の部屋で公開講演会を含め、 $3 \times 8 = 24$ 時間を大会初日から最終日の午後4時まで連続的に配置した。そのテーマは、丸山がこれまでに長年に渉って探索してきた「地球の歴史と生命の進化を如何に結びつけるか？」という問題であり、これを最初から聞けば地球と生命進化に関する研究の現状が解るという趣向である。21時間の7つのシンポジウムは、太陽系の創成から始まり、地球以外の惑星と生命の探索で終わる。公開講演会は無料であるし一般の来聴者のことを配慮し、このテーマと関連のある面白い問題をトピックス的に配置した。

公開講演会

新しい生命観；宇宙から日本国家誕生まで

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

公開講演会の最初の演者は岡田典弘（東工大）で、シーラカンスがどのような過程で日本に来るようになったのかという説明を行った。今回の東工大の大岡山キャンパスでの大会に合わせて、お腹の中が見えるシーラカンスの標本を東工大の正門脇の百年記念館で公開しているので、それと符牒を合わせた形である。

丸山茂徳（東工大）は「日本人漢民族説と日本国家の誕生」という題で話をしたのだが、地質学者がこれほど深く日本と日本人の起源の問題に切り込んだのは初めてであろう。ポイントになるのは気候の変動と鉱床である。周期的に訪れた寒冷化に伴うアジア大陸東部の民族の移動による玉突き現象と日本の豊富な鉱物資源がカップルすることで、広義の漢民族が日本列島に移住し、彼らが日本人の起源になっているというユニークな説である。具体的には、2800年前、4～5世紀の寒冷化で総勢100万人が渡来した。世界四大文明地帯の中で、北中国にだけ膨大な鉄の鉱床があり、これが世界最強の文明を中国に作り、中華思想を生んだ。中国には、小麦と牧畜の黄河文明と稲作を中心とした世界最大の食料地帯の長江文明がある。その北側に半砂漠の遊牧民地帯がある。周期的寒冷化が民族の玉突き移動を起し、彼等が日本国家を創造した。日本の古代史は、アメリカの歴史とほぼ同じである。

平山廉（早稲田大）はカメの研究者だが恐竜に関しても造詣が深く、「恐竜における性的淘汰を考える」というテーマで話をした。恐竜の形態に関する性的二型は知られていないのだが、ここで平山はある種の恐竜の角の発達や竜脚類の首の長大化などが二次的性徴の機能を担っていた可能性を初めて指摘した。あとで解ることであるがシンポジウムで徐星(Xu Xing)が、やがて空を飛ぶことになる恐竜の祖先が持っていた羽毛が保温の為ではなく性的displayとして最初に進化したのではないかと指摘し、呼応するものである。

戎崎俊一（理研）は、「新しい地球観：宇宙が地球の気候、火山噴火、地震、生命進化を支配する」というテーマで話をした。宇宙線は宇宙から地球に降り注ぐ高エネルギー荷電粒子で、電離過程を通して地球の気候を支配している可能性がある。また超新星爆発が起きその爆風で地球の生命が死滅する可

能性も10億年に一回程度有り、46億年の地球史の中では無視することが出来ない。このような問題意識は、最近の天文学の進展によって初めて明らかになったものである。このような視点から地球に放射線が降り注いだ時期の特定と生物のDNA修復機構の複雑性多様性がいつ生じたのかという系統学的な分析は今後の重要な面白いテーマになるに違いない。

シンポジウム S1

先カンブリア時代の地球と生命進化-1-

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

シンポジウムはまず丸山茂徳のオーバービューから始まった。これは、シンポジウム全体の基調を決めるものであり、これに尽きているので、抄録をここに改めて再録しておきたい。

[S1-1] 新しい生命進化論：概観（丸山茂徳・岡田典弘）：生命と地球の歴史は、これまで地球内もしくは太陽系のシステム変動として捉えられ、地球生命史の幾つかの総合的シナリオが提唱されて来た。しかし、地球表層は宇宙に開いた開放系であり、宇宙の大規模な変動に大きな影響を受けて来たはずである。近年、深宇宙の観測天文学が驚異的な発展を見せ、銀河同士の衝突の現場が観測される技術が発達し、恒星の誕生が一定の速度で起きるのではなく、宇宙史の中で大量の恒星が誕生した時代とそうでない時代の区別がなされ、さらに宇宙古地理図まで描かれる時代になっている。天文学の大発展によって、具体的な宇宙古地理図の中で地球生命史を考えられる時代になりつつ有る。そこで 1) 太陽系の誕生と初期進化、2) 地球に残された記録の解読に基づく生命と地球の進化の理解、3) 太陽系の外側の惑星の新発見（2010年1月現在400個を超えている）、及び 4) 生きている生物の研究から見た生命進化、の4分野の研究最前線のレビューを中心にシンポジウムを企画した。このシンポジウムが、新たな学際的研究の始まりや個別的研究の進展の何らかの契機になることを期待する。

小久保英一郎（国立天文台）は、「太陽系の構造と起源」について話をした。原始太陽系円盤から、微惑星形成、原始惑星形成、惑星形成の3段階を経て太陽系が形成されるプロセスが示された。更にごのようにして地球型惑星（岩石と鉄でできている）、木星型惑星（ガスでできている）と天王星型惑星（水でできている）が成立したかが紹介された。地

球型惑星のサイズは暗記しにくいですが、半径が2倍（質量は8倍）の関係で、月→火星→地球→スーパー地球（我が太陽系にはないが、系外惑星として発見されはじめた）となっていると暗記すれば頭に入りやすい。地球は火星サイズの惑星が8個衝突融合してできた。これを巨大衝突と呼ぶが、小久保は惑星形成の最終ステージの巨大衝突の研究者である。

上野雄一郎（東工大）は「太古代・原生代の生命進化と古環境：地質記録からの推定」というテーマで話をした。最近になって、古大気組成を安定同位体の分別が地表に記録されることを利用して推定する手法が発展しつつある。これを用いて、太古代と原生代の境界（25億年前）で酸素濃度が上昇したことが（酸化事変）詳細に調べられるようになった。酸素濃度の上昇と共に他の大気組成も大きく変動した可能性があり、そのような大気変動の直後に出現した真核細胞（20億年前後）のDNAにこの変動がどのように刻印されているかを研究することは面白いテーマであるに違いない。

シンポジウム S2

先カンブリア時代の地球と生命進化-2-

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

小宮剛（東大）は「後生動物出現と進化：三段階進化と対照的な表層環境」というテーマで話をした。原生代（5億4千万年前まで）末に全球凍結が起き生物の大絶滅が起こったと想定されるが、その直後の古生代カンブリア紀初期にカンブリア紀の生物の爆発的進化が起こる。この時期は生命進化の大転換である。小宮を含む丸山のグループは、この生命進化の一大イベントに地球科学的な裏付けを与える為に、中国で15本の掘削を行い、動物出現の直前に燐(P)濃度が上昇したこと、その後のカンブリア紀初期には燐が減少し硝酸やカルシウム濃度が増加したことを示した。以上のことから、多細胞動物出現からカンブリア大爆発までのプロセスを、1) 10億年前後の遺伝子重複の後、6億年位までに遺伝子発現ネットワーク上のソフトの変更が行われ、2) 燐濃度の上昇（骨格の形成）と更に続けて起こった、3) N/P比の上昇（豊富なタンパク質に富んだ筋組織の形成）という三段階として捉えることが出来ることを提唱した。

大野照文（京大）のテーマは「多細胞動物進化・初期の謎」というものである。大野は古生物学者であり古生物の形態の専門家である。この分野の進化

学に置ける重要性は論を待たないが、今まで進化学会ではあまりなじみの薄かったこのテーマで本格的な話を聞いたことが嬉しい。多細胞動物の多様なグループは、カンブリア紀初期に勢揃いするが、それ以前の古生物学的な記録は薄く、今後どのような新しい発見がなされるか解らないと言った状況である。我々は20億年前に真核細胞が出現し、10億年前に多細胞動物が出現したと理解しているがこれはあくまでもDNAの進化から得られた推定値であることを銘記すべきであろう。

黒川顕（東工大）は、「ゲノムからメタゲノムへ」というテーマで、メタゲノム研究の現状について話をした。メタゲノム解析とは、新型シーケンサーの出現に伴い、ある環境中の細菌叢を培養に依存すること無く丸ごとゲノムを解析することを指す。黒川は、この解析の現状についてレビューを行った。ヒトの体内や様々な地球環境に細菌は存在し、その活動が地球の環境を決定して来たばかりでなく、人間生活のあらゆる場面を規定していると言っても過言ではない。この手法は既に一定の成果を上げているが、地球の歴史を理解する上でも大きな威力を発揮するものと期待される。

シンポジウム S3

カンブリア紀およびそれ以降の地球と生命進化

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

Degan Shu（西北大学）は、中国南部に残されたカンブリア紀前期から中期、後期までの化石記録から、脊椎動物の進化の古記録を記載し続けてきた古生物学者である。カナダ西部のバージェス頁岩中の動物群の化石は有名だが、カンブリア紀中期の後半であり、カンブリア紀の前期と中期の地層は世界中殆どの地域で大不整合がある為に、欠損していた。その為に、動物誕生前後の化石の記録は不明のまま残されていた。しかし、中国の地質が明らかになるにつれて、その全貌が見えてきた。Degan Shueは世界最古の魚の化石を初め、海綿他のカンブリア紀前期の動物化石を多数発見記載し、動物誕生の初期進化の古記録を解説してきた。現在は、カンブリア紀最初期（約5.4億年前）のSmall Shelly Fossils（全ての動物の門のレベルの祖先）の分類・記載研究を推進している。更にその1億年前（6.3億年前）とされた動物胚化石の正否、左右相称動物化石の正否の研究の現状を解説した。

佐藤矩行 (OIST) は、「脊索動物の起源と進化：脊索はどのようにして生まれたのか」というテーマで話をした。脊索動物はナメクジウオなどの頭索動物、ホヤなどの尾索動物、我々ヒトを含む脊椎動物の3群からなる。つい最近まで尾索動物が脊索動物の祖先的動物に最も近いと考えられていたが、最近のゲノム研究の進展により頭索動物が最も祖先的動物に近いと考えられるようになってきている。この進化のシナリオは、自由生活性の動物が脊索動物の祖先であった可能性を強く支持する。脊索の本来の機能は、オタマジャクシ型の脊索動物の身体の尾の支持器官として進化した、と言うのが佐藤の仮説であり、この問題に一貫して関わって来た佐藤の迫力のある印象的なプレゼンテーションであった。

長谷川政美 (復旦大) は、タンパク質のアミノ酸配列の比較による系統樹作製法：最尤法の創始者である。また、岸野洋之と協同で開発した最尤系統樹の統計学的検定法は、世界中で広く使われている。最近Theobald (2010, Nature) は地球上のあらゆる種が単一に起源し、そのTree of Lifeのどこかに位置づけられるという論文を発表しているが、今回長谷川はこの論文を統計学的に再検討し、実際はそのような結論が導き出せないということを示した。このことは、比較による系統樹の推定に於いては、情報量が多ければ良いというものでは必ずしもなく、系統樹作成の際のモデルの設定に多く依存し、モデルを変えれば結論も変わる、ということを示している。最近のDNA塩基配列決定の迅速化により、ゲノム同士を比較して系統関係を推定するいわゆるphylogenomicsが盛んになって来ているが、長谷川の発表は情報量の多いゲノムを比較すれば正しい系統樹が得られるという安易さに対する一つの警鐘である。

シンポジウム S4

動物と植物の誕生

丸山茂徳・岡田典弘 (東工大)

長谷部光泰 (基生研) は、「植物の系統と発生進化」というテーマで講演を行った。この20年間の分子系統学の進展により、植物の系統関係の概略が明らかになって来ている。またシロイヌナズナなどを用いた分子発生学の進展により、植物の形態形成の分子機構も解かれ始め、形態進化がどのような分子機構の変化によって引き起こされたのかを推定することが可能になりつつある。今後の問題点は、1

つは複合適応形質 (二つ以上の形質が同時に適応する現象) がどのような遺伝的基盤で起こるのか? という問題と地球に刻印された地質学的変化と植物の新しい形質の出現に相関があるか? という問題であろう。

五條堀孝 (遺伝研) は、「ゲノムが読み解く生物の共通性と多様性」と題し、特に神経システムの進化について講演を行った。ゲノムレベルで動物の中枢神経形がどのように進化して来たかを明らかにするという事は、ゲノム研究の最も重要なゴールの一つであろう。五條堀はまずヒトの脳・中枢神経系に特異的に発現する遺伝子セットを同定し、それらを全ゲノムが解読された他の生物種と比較し、哺乳類の中枢神経系に至る共通な新しいシステムがいつ生じたのか?あるいはどのような遺伝子セットがある動物群に特異的生じたシステムであるのか?の検討を行った。いいかえると中枢神経系のシステムの共通性と多様性を遺伝子のセットレベルで議論出来ることを示した。これはゲノムの塩基配列の情報をどのように生物学的に意味付けるかと言う点に関する重要な進展である。今後、新しいシステムの出現がどのような地球上の地質学上の変遷 (例えば酸素濃度の変化など) と相関しているか?を明らかにすることは興味深いテーマであろう。

丸山茂徳 (東工大) は「銀河からゲノムまで：新しい生命進化論の提案」と題し、このシンポジウムの意義について強調した。地球表層の日常的な現象である気象が宇宙線と太陽の相互作用に支配されているという宇宙物理学の新しい地球観、さらに、深宇宙の相次ぐ画期的な新発見は地球史46億年間には、銀河同士の衝突や矮小銀河と我が天の川銀河の衝突が数回起きた可能性が高いことを示唆している。このような天文学の画期的な新展開と、地球史の精密解読、更にゲノム生物学の発展を組み合わせると、新しい生命進化論が生まれる状況が整ったといえる。具体的には各2億年にわたる2度 (25~23億年前と8~6億年前) の全球凍結と解凍直後の生物の急激な進化 (真核生物誕生と多細胞動物誕生) と宇宙史 (矮小銀河と大マゼラン銀河の接近) が連動している。因果関係の間を繋ぐ宇宙線の急増、ゲノム変異速度の急増、雲の急増と気温低下と氷結、酸素濃度の急減と直後の急増が与えた生命進化の加速、これらを生命体 (ゲノム)、化石、表層環境に残された物証から解読する研究が急展開している。その具体的なシナリオをたたき台として提案した。

シンポジウム S5

生命進化と大量絶滅の役割

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

磯崎行雄（東大）のテーマは、「大量絶滅研究：新たな挑戦」である。磯崎は古生代・中生代境界（P-T境界、2.5億年前）の超酸素欠乏事件の存在を地質学的に証明した著名な地質学者でありながら、化石に関する造詣も深い。この古生代・中生代の絶滅は、史上最大のもので95%以上の海生生物が絶滅したと言われている。その原因については、巨大隕石の衝突ではないということは証明されたものの、何が原因であるかはまだ解明されていない。現在では銀河系内での太陽系の位置と地球内部の外核の磁場強度の経年変化が重要であるという説が浮上している。大量絶滅は生命にとっては否定的な響きがあるが、絶滅が無ければ生命システムの大きな進化は無かったわけで結果論では有るが、生命進化に大きく貢献していると言えなくもないのである。

岡田典弘（東工大）は、「危機から生まれた哺乳類」という題で話をした。2.5億年前のP-T境界の大絶滅前後では酸素濃度が大きく変動したことが知られている。ペルム紀には30%位あった酸素濃度が、三畳紀に入り10%位に激減し、このことも大絶滅の原因の一端を成していると考えられる。約3億年前に分岐していた哺乳類と爬虫類の祖先はこの未曾有の激変の後、約2千万年続いたと考えられている酸素濃度の低下に適応することを強いられた。哺乳類の祖先が横隔膜を獲得し二次口蓋を閉じたのはこの適応の為である。P-T境界大絶滅の直後に出現した恐竜も気囊システムを発達させ、効率の良い酸素交換システムを手に入れたと考えられている。それではこの時にDNAレベルでは何が起きたのだろうか？ 岡田は危機に際して、従来機能を持っていなかったレトロポゾンが機能を持ち、低酸素濃度あるいはこの直後の夜行性への適応において貢献したという例を幾つか提示している。このように哺乳動物の共通祖先で新たに機能を持ったレトロポゾンの座位は100以上知られているのでこの全体像を明らかにすることはゲノム進化上大変興味深いと思われる。

Xu Xing（徐星；中国国立アカデミー）は、鳥の進化についての化石のレビューを行った。徐星はいわずと知れた世界で最も多くの重要な化石論文を出している研究者である（Nature 20報以上）。ここで徐星は鳥の羽の起源について詳細な検討を行っ

た。羽は元々針状の構造からなり、それが徐々に両側にふくらみを持ちながら現在の羽になったと想定される。その針状の構造物は獣脚類（ティラノザウルスのような二足歩行する恐竜のグループ）のかなりの初期の恐竜にも見られるという。針状なので初期に保温の為に羽が進化したという従来の考え方は当たらないのではないかとということであった。もしかしたら原始的な羽は性的displayの役割を持っていたのかもしれないという仮説が提案された。もう一つ注目すべきことは、ジュラ紀の中期（1億9千万年前より始まる）以降の獣脚類の急激な放散である。P-T境界の大絶滅後、三畳紀の終わりに（約2億年前）にもう一度大絶滅があり、ジュラ紀の初期以降は酸素濃度が低下するが、ジュラ紀の中期になりそれ以降は酸素濃度が徐々に上昇する時期に当たるといふ（磯崎の指摘）。この酸素濃度の上昇時期と獣脚類恐竜の急激な放散の時期が一致しているのは、ちょうどこの時期に獣脚類が気囊システムを発達させ、酸素の効率の良い交換システムの確立させた為であるという仮説は魅力的である。

シンポジウム S6

有羊膜類から人類誕生まで

丸山茂徳・岡田典弘（東工大）

熊澤慶伯（名市大）のテーマは、「中-新生代の大陸移動と爬虫類の進化」である。分子のデータから系統関係と分岐年代を推定し、地質や化石のデータと総合することで、1) 新大陸に分布の中心を持つイグアナ科の中で唯一マダガスカルに生息するマラガシュートカゲ亜科は、他のイグアナ類と Gondwana 大陸の分裂に伴って分岐した可能性が高いこと、と 2) アクロドント類（アガマ科とカメレオン科）の起源は Gondwana 大陸にあり、アガマ科はインドとともにユーラシア大陸に渡来した可能性があること、などの知見を報告した。

西原秀典（東工大）は「大陸移動と哺乳類の進化」というテーマで、有胎盤哺乳類の祖先が三つのグループ（北方獣類、アフリカ獣類、貧歯類）にほぼ同時に分岐したのは、1億2千万年前に超大陸パンゲアが、ほぼ同時にローラシア大陸、アフリカ大陸、南米大陸と分裂した結果であるという新しい仮説を提案した。レトロポゾンの分析により上記三つの系統が同時に分岐したという証明はDNA分子のデータに基づくものだが、このような分子データを基に地質学的な新しい仮説が提案されたというのは

初めてのことでないかと思われる。

馬場悠男(科博)は「人類の進化と文明史」という題で、これまでの人類の進化の過程をサマライズした。人類史600万年の概観と20万年前のミトコンドリアイブのアフリカからの脱出と世界全域への周期的な拡散、その歴史を辿る考古学と遺伝子解説研究の現状をまとめた。最後に現代文明の近未来について提言を行った。現在では、地球規模で人口が爆発的に増加し、数十年後には環境破壊と資源枯渇が世界中に悲劇的事態をもたらすことを予測して、「文明縮小」の提案を行った。ところが、日本を始め、全ての先進国のマスコミ、政治家、科学者共同体、官僚ほか、環境問題他あらゆる問題の出発原因となっている、世界人口の計画的縮小を考えず、逆の人口膨張を加速し、人類史最大の悲劇に猛進している。例えば、生物多様性の問題も根源的な原因は人間(68億人)と大型の家畜(44億頭)の指数関数的増加が直接的な原因である。西暦1600年(産業革命以前)ごろの世界人口は4~5億人であった。

生駒大洋(東工大)は、「系外惑星学の新展開：スーパー地球」という題で講演を行った。今日までに蓄積された系外惑星学の現状をオーバービューし、スーパー地球(質量にして地球の数倍程度の惑星)と我々が住む地球との類似点と相違点を起源や進化、表層環境の観点から議論を行った。現在までに450個の系外惑星が報告されている。中には中心星の周囲を回転する複数の惑星の存在も確認されている。生駒は、昨年までフランスで、惑星表層がマグマの海(温度は1400℃以上)で覆われているスーパー地球の共同研究を進めてきたが、それを例として、現在までに分かってきた系外惑星の研究の現状を報告した。系外惑星は実に多様である。惑星半径の1/2が海洋という例もある。その下に火星サイズの岩石惑星があるとしても、陸地が生まれる可能性がない。実は我が太陽系の惑星たちが宇宙で、普通なのか異常なのか、その答はまだ不明である。現状は、実に多様な惑星の存在が記載・報告されている段階だが、統計的な処理ができるまで例が増えて、やがて分類され、成因が議論されるまで時間はいかからないだろう。

シンポジウム S7

宇宙から地球を探す

丸山茂徳・岡田典弘(東工大)

中本泰史(東工大)は、「地球型系外惑星大気の

組成と外部からの観測について」という題で講演を行った。地球史46億年の中でも後生動物を乗せた惑星地球は最近6億年の地球である。それ以前の地球は生命の惑星といっても、現在とは極めて異質であった。例えば、酸素濃度は、過去6億年の値を1PALとすると、初期地球では1/1000、原生代では1/100であった。生命を守る強力な地球磁場は地球史を通じて安定ではなかった。したがって、地球史は多様な系外惑星の姿を模擬的に調べる絶好の研究材料である。地球型系外惑星の1サンプルとして地球を取り上げ、その過去の大気組成を推定し、次にそれを宇宙から観測した時にどのように見え、どのような情報が得られるかを検討した結果を報告した。次の課題は、系外惑星表層の大気スペクトルから、惑星表層に海洋が存在するかどうか、酸素濃度や二酸化炭素濃度のレベルなどを定量的に推定する手法の確立を目指す。

須藤靖(東工大)は「第二の地球の色：系外惑星リモートセンシングに向けて」という題で講演を行った。これは、太陽系以外の惑星探査の究極のゴールである、『文明を持つ惑星』の存否の前段階である『陸上植物の存否』を同定する手法の提案である。高酸素を持つ惑星は、大気スペクトルのオゾンのピークの高さで判別できるが、加えて、陸上植物の有無は後生動物の存否を確定する上で避けて通れない情報である。地球が動物を乗せた惑星になり、更に5億年経過しても、人類は誕生しなかった。人類が文明を持つに至るまで、更に600万年も必要とした。文明の存否は人工電波(TV、携帯電話など)で判読しうるが、その可能性は限りなく小さい。高等文明を持つ惑星に進化する前に、動物を乗せた惑星を発見する確率は、もっと大きい。その為の重要な提案がこの手法である。

丸山茂徳(東工大)は総合討論としてこのシンポジウムの進化学における歴史的な重要性について以下のように締めくくっている。1) 近未来に期待されるブレイクスルーとして、系外惑星の研究が挙げられる。地球サイズの惑星の発見、海洋を持つ惑星の発見、酸素大気を持つ惑星の発見があるだろう。発見される惑星の個体数が増加すると、図鑑が作られ、やがて惑星が分類され、成因論が充実し、我が太陽系惑星が標準なのか異常なのか、が分かるだろう。一方ゲノム生物学は、古生物学者+ゲノム生物学者が共同して、化石に残された記録(形態と表層環境、とりわけ酸素濃度)をヒントに、目的意図的な遺伝子解説作業が進み、発生物学を組み合わせ

て、過去5億年の進化の大枠が解説されるだろう。更に、これらとは独立に、深宇宙における観測天文学が充実して、天の川銀河近傍で次々と発見されている矮小銀河との関係を定量化した宇宙古地理図が充実して、地球生命史を宇宙からゲノムまで統一的に説明できる新しい時代が始まるだろう。2) そのような時代を先取りして、我々生命進化学会が、地質学、生物学、天文惑星科学の学際的共同研究を促進して世界の主導権を握ることができる方策はないだろうか？これを議論した。この課題を継続的に議論して何らかのプロジェクトを生み出すブレンストーミングを今後も学会で続けることを合意した。

国際ワークショップ IWS1・IWS2

Evolving shapes and development —viewed from changes in gene regulations

倉谷滋 (理研CDB)・田中幹子 (東工大)

動物進化における真の意味での新規形態は、単なるサイズや比率の変化による変形を通して機能の質や効率を高めることではなく、一部既存のボディプランを変更することによって行われる。そのことによって形態学的に保存された発生パターン(相同性)は改訂され、抜本的で不連続な質的進化が見込まれる。その背景にはおそらく、遺伝子発現の抜本的な変更や、それを可能にするゲノムレベルでの変化が生じているであろう。このことを重点的に扱ったワークショップを、というのが今回の目的であった。特別講師として米国よりCheng-Ming Chuong博士を招聘し、それに合わせてトークはすべて英語にて行ったが、それによる支障は全くなく、きわめて質の高い議論が展開できたことをまず強調したい。

まず倉谷がこの領域の概念的背景、並びに円口類とカメの発生から、新規形態獲得と軌を一にして生じている遺伝子発現パターンを紹介した後、日下部岳広氏(甲南大)が、眼、鼻、耳などの脊椎動物の頭部にある感覚器や視床下部-下垂体軸など、神経内分泌器官の発生メカニズムの進化に関する研究成果を紹介した。これらの感覚器や下垂体は頭部プラコードから派生する脊椎動物特有の特徴であると考えられてきた。しかし近年、脊椎動物に最も近縁な無脊椎動物であるホヤにもプラコード様構造が存在することが示唆されている。日下部氏は、ホヤ

を用いて、プラコードの形成に関与する遺伝子オーソログの発現様式やその遺伝子産物の機能を解析、これら遺伝子の発現制御の変化と感覚器や下垂体の進化について論じた。

つづいて和田洋氏(筑波大)が、二枚貝に二枚の殻という新規形質をもたらす鍵となったプログラム変化について論じた。和田氏らは二枚貝ケガキ(*Saccostrea kegaki*)胚の卵割パターンを詳細に記載、殻の始原細胞となる割球で特徴的な卵割パターンを確認した。さらに、二枚貝のパターニングに関与している可能性のある複数の遺伝子の発現パターンの比較解析とBMP処理による機能解析から、*dpp*が確かに二枚の殻形成において重要な因子となっていることを示し、*dpp*の発現様式の変化が新規形質を出現させた可能性を提案した。

秋山-小田康子氏(JT生命誌研究館)は、クモのボディプランを構成する前後(頭尾)軸と背腹軸が成立するメカニズムについて発表した。秋山-小田氏は、オオヒメグモ(*Achaeareanea tepidariorum*)では、*dpp*遺伝子を発現するクルムス細胞集団の移動が胚の放射相称性から左右相称性への転換に重要であることを明らかにしていた。そこで、この仕組みの解明に取り組んでいたところ、クルムス細胞が移動せず、二つの軸が直交しない放射相称の胚を得ることに成功したのである。放射相称を示した胚では*patched*が阻害されていたことから、Hhシグナルと軸形成の関係に着目した研究を進め、Hhシグナルに依存した胚盤の中心から周縁への前後のパターン形成がクルムスの移動に必要であることを突き止めた。最後に、放射相称のパターン形成から二軸を直交させるこのシステムをモデルに、左右相称の形づくりの起源について論じられた。

次に志賀靖弘氏(東京薬科大)は、ミジンコ(*Daphnia magna*)胚の解析結果をもとに、甲殻類の新奇形質である背甲の起源について論じた。志賀氏は、ミジンコの体壁に出現する背甲原基の縁辺部の特異化にとって、昆虫の翅原基の縁辺部で働く*vestigial*, *scalloped*, *wingless* 遺伝子群が重要であることを示し、さらに、背甲原基と翅原基の縁辺部の伸長が共通のメカニズムで制御されている可能性を検討、その結果、背甲と翅が異なる起源を持つ構造であり、*vestigial*, *scalloped*, *wingless* モジュールが、甲殻類と昆虫の分岐以前に、原始的節足動物において獲得されていた可能性を示した。この機能モジュールは従って、遺伝子とその制御レベルでの深度の深い相同性のみ示すことになり、背甲や翅などの新規

形質はこれらの遺伝子モジュールが独立に co-opt されることで出現したと考えられた。

竹内雅貴氏 (理研 CDB) は、脊椎動物胚葉の祖先型とその進化について論じた。胚体外組織は、哺乳類や真骨魚類で、胚葉形成や軸形成に主要な役割を果たすが、両生類であるアフリカツメガエル胚には胚体外組織が存在しないため、哺乳類と真骨魚類は独立に胚体外組織を獲得されたと考えられていた。竹内氏は、原始条鰭類であるポリプテラス胚と無顎類であるヤツメウナギ胚において、胚葉形成に関する遺伝子群の発現解析を行い、これらの動物胚が全割を行い、その植物極割球が内胚葉とならない胚体外割球であることを示した。そして、哺乳類や真骨魚類でみられる胚体外組織は、祖先脊椎動物において生じた相同な構造であり、両生類は胚体外の植物極割球を二次的に内胚葉に取り組んだ特殊な脊椎動物である可能性が論じられた。

次に、青田伸一氏 (理研 CDB) は、円口類を用いて脊椎動物の前脳の進化について論じた。ナメクジウオから顎口類に至るまで、脳の前後軸はよく保存された遺伝子の発現によって特異化されているが、分節的領域化は脊椎動物にのみ存在し、しかも顎口類に見られるすべての区画が円口類に揃っているわけではない。このことから、我々の脳の基本パターンは、脊椎動物の系統が成立したのちも進化し続けたことが分かる。青田氏はその一例として medial ganglionic eminence もしくは pallidum として知られている顎口類特異的な前脳の一部をとりあげ、それがヤツメウナギの発生に現れず、その背景として *FoxG1* (*BF-1*) 遺伝子の初期の発現に必要な anterior neural ridge 由来のシグナルが本質的にヤツメウナギにおいて完成していないことを示唆した。つまり、脊椎動物脳領域的整備には、いわゆる二次オーガナイザーの機能的進化が関わっていることが示唆された。

同様に柿沼久哉氏 (理研 BSI) は、顎口類が小脳を獲得した過程について、ゲノム上の遺伝子の位置関係の変化により生じた発現制御の変化という視点から研究した。顎口類胚では、中脳後脳境界 (MHB) は、*Fgf8* を発現し、周辺に *engrailed* 遺伝子群などの発現を誘導する小脳形成のシグナルセンターとして働く。無顎類ヤツメウナギ胚の MHB でも、これらの遺伝子群の発現は報告されているが、小脳は形成されない。一方、顎口類では、MHB で *engrailed2b* と類似した発現パターンを示す *canopy1* が、FGF 受容体タンパクの成熟を制御することで、

MHB と小脳の形成に必要である。柿沼氏は、複数の顎口類と無顎類ヤツメウナギでの *canopy1* と *engrailed2* のゲノム上の位置関係を解析し、これらの遺伝子は顎口類ではゲノム上で近接した位置に存在するが、ヤツメウナギでは近接していないことを示した。これらの結果は、顎口類でおこったゲノムの再編成により *canopy1* が MHB での発現領域を獲得し、小脳が獲得された可能性を示唆した。

つづいて、企画者の一人、田中幹子 (東工大) が、脊椎動物の対鰭の起源と四肢の進化についての研究成果を発表した。脊椎動物の四肢の進化の過程では、何段階にもわたる複雑な発生プログラムの変化を伴っている。まず、無顎類が最初に対鰭を獲得するまでにおこった脊椎動物のボディプランの変化について、原始脊索動物ナメクジウオ胚と無顎類ヤツメウナギ胚の側板中胚葉構造の解析結果をもとに論じた。次に、四肢動物胚の体壁側板中胚葉では首から尾に至るまで広く肢形成能が存在すること、しかしながら、脇腹領域では肢の形成を積極的に抑えるシステムが存在することを紹介し、二対に分離した肢の獲得過程について論じた。さらに、四肢動物が四肢形態を多様に変化させた背景には、肢芽の細胞死領域での細胞数を調節する機構があると捉え、その分子メカニズムを明らかにした研究成果を紹介した。

小柴一竹内和子氏 (東大) は、脊椎動物の心臓中隔の獲得過程について、*Tbx5* 遺伝子の発現変化に着目して行った研究成果を報告した。小柴一竹内氏は、心臓中隔の進化のメカニズムを明らかにする目的で、アカミミガメ (*Trachemys scripta elegans*) とアノールトカゲ (*Anolis Carolinensis*) の心臓形成過程を解析した。その結果、トカゲの心臓には心室は一つしかないが、カメの心臓には、小さな中隔様構造のある心室が存在することを明らかにした。さらに、カメの心室では、マウスやニワトリの心室のように発生後期で *Tbx5* の発現の偏りがあることを見いだした。そこで、*Tbx5* の発現変化と心臓中隔の進化の関連性を証明するために、マウスの心室で *Tbx5* を強制発現させたところ、爬虫類の心臓のように心室が一つしか形成されないことがわかった。最後に、これらの結果をもとに、心臓中隔の進化の過程における *Tbx5* の発現パターンの変化の重要性が論じられた。

最後は Cheng-Ming Chuong 氏 (南カリフォルニア大) を特別講師として招き、鳥類における体毛やくちばしなどの発生と進化について、御講演を頂い

た。これらの構造は、体と周囲の環境と隔てる体表面に存在する構造であることから、多様な環境に適応した形態変化を示す。くちばしの発生と進化については、その形態形成過程で BMP が重要な役割を担うことが紹介され、BMP の発現レベルの変化がくちばし形態の多様化の背景にある可能性が論じられた。また、羽毛については、その形態形成メカニズムが紹介され、鱗から羽毛へと形態が進化する発生過程を説明する画期的なモデルが示された。さらに、羽毛に存在する幹細胞活性をマッピングした成果についても紹介された。体毛については、再生時における幹細胞の活性化サイクルは個々に調節されているだけでなく、皮膚での周期的な BMP シグナル伝達によっても調節されていることが紹介された。そして、これらの器官における幹細胞の活性サイクルや幹細胞のトポロジカルなアレンジメントはマイクロ環境やマクロ環境に影響を受けて制御されており、形態進化を左右する要因であった可能性が議論された。これはセッションの最後を飾る、素晴らしいトークであった。

この国際ワークショップには、会場の中でも広く新しいホールが提供され、うだるような外の状態とは裏腹の、至極快適なセッションとなったことを主催者に深く感謝したい。発表はすべて滞りなく進み、ディスカッションは活発で、参加者にとって有意義な会となったと自負している。

ワークショップ WS01

性(せい)か雌(し)か・・・それが問題だ！ ～有性生殖と無性生殖を行き来する生物 から性の進化を考える～

木村幹子（東北大）・箱山洋（中央水研・東京海洋大）

生物の生殖様式は、大きく有性生殖と無性生殖に分けられる。前者は他個体と遺伝子を交換することで新たな遺伝子の組み合わせを持つ子孫を作るのに対し、後者は他個体との遺伝的交流なしに子孫を作る。一個体を作るのに二個体必要な有性生殖に比べ、無性生殖は二倍の増殖力がある。しかし無性生殖では、組み換えが起こらないために、有害遺伝子の蓄積を阻止できない、遺伝的多様性が創出されず環境の変化に対して脆弱である、といった欠点があるとされている。性の進化は長年にわたり進化学の重要なテーマであったが、既にほとんどの生物が有性生殖を獲得してしまった今、その起源を探るのは大変困難である。本ワークショップでは、同じ種

(あるいは属)の中に、有性生殖する系統と無性生殖する系統が混在するいくつかのシステムに着目した。これらのシステムを用いて二つの生殖様式の発生源や存続に関して整理することで、性の進化の一端を考察することが出来るのではないかと考えた。

1) 無性生殖集団での遺伝的多様性創出メカニズム：一般には、ニッチの近い集団間では強い競争排除が起こるため、同所的に無性生殖集団でクローン多型は維持されないと考えられるが、ギンブナやタンポポでは同所的にクローン多型が存在することが報告されている。

箱山洋氏（中央水産研究所・東京海洋大学）は、ギンブナを用いた交配実験の結果から、クローン多型の起源と維持についての講演を行った。一般にフナ類は有性型（二倍体）と無性型（三倍体）が同所的に共存している。稀に精子が無性型の卵と受精したり、稀に生じる三倍体雄が二倍体雌と交配したりすることによって、様々な倍数性の個体が生まれることが明らかになった。このことにより、無性集団と有性集団の遺伝的交流が起こり、クローン多型を維持させている可能性があることを明らかにした。

保谷彰彦氏（東京大学）には、倍数体系列の発達が著しいタンポポを対象に、無性生殖系列の遺伝的多様性維持機構について御講演いただいた。二倍体は有性生殖を行うが、三～十倍体は無融合生殖により種子を生産する。ギンブナと同様、タンポポでも無性生殖する倍数体と有性生殖する二倍体との交雑により、双方の遺伝的交流が存在することが明らかになった。ワークショップでは、倍数体が花粉親として機能する通常のケースに加え、種子親として機能する稀なケースについても紹介していただいた。

2) 2つの生殖様式の起源：関根一希氏（信州大学）には、地域によって両性個体群と雌性個体群とが認められるオオシロカゲロウの「地理的単為生殖」について御講演いただいた。通常雌性個体群は分布域の周辺部で発生しやすいのに対し、オオシロカゲロウでは雌性個体群はモザイク的に分布している。細胞学的観察と集団遺伝学的手法により、オオシロカゲロウは減数分裂後に雌性前核と第二極体核とが融合することで二倍体を生じるオートミクス型の単為生殖であること、日本各地に分布する雌性個体群は単一起源であることを明らかにした。

野殿英恵氏（慶応大学）は、有性生殖系統、無性生殖系統、季節により転換する系統が同種内に存在するプラナリアを対象とした、生殖様式転換機構の解明に向けた取り組みを紹介した。プラナリアで

は、無性個体に有性個体を餌として与えることで、人為的有性化個体が得られることから、有性化誘導因子の存在が示唆されている。細胞移植実験などにより、プラナリアの再生能力を支えている多能性幹細胞が有性化因子産生の鍵を握っている可能性があることを明らかにした。

3) 無性生殖集団と有性生殖集団の共存メカニズム: 木村幹子(東北大学)は、アйнаメ属雑種の半クローン生殖について紹介した。片方のゲノムはクローンとして存続させる一方で、もう片方のゲノムは有性生殖集団から拝借し、一代限りで使い捨てる半クローン生殖は、まさに有性生殖と無性生殖の利点を併せ持つ生殖様式に思われる。半クローン雑種と、有性生殖する親種との同所的な共存を可能にしているメカニズムについて、ニッチ分化や分散による動的平衡などの考えられる仮説を紹介した。

最後に、江副日出夫氏(大阪府立大学)に全体を総括するコメントをいただいた。性は「誰にとって」得なのか、有性生殖する個体にとってなのか、それとも有性化を促す遺伝子にとってなのか、という性の進化の本質部分に迫る問題提起をいただいた。本ワークショップで扱った、有性生殖と無性生殖が互いの利点・欠点をうまく使い分けながらせめぎあっている生物たちの不思議にふれ、性の進化の立役者は「誰なのか」、聴衆の方々が少しでも思いを巡らせていただけたなら幸いである。

ワークショップ WS02

利己者と利他者の絶滅回避をめぐる 適応動態

吉村仁(静岡大学)

生物の適応進化の尺度である適応度を変動する環境においてどのように理解するかはまだ未解決の大きな問題である。適応度が未来の値であることに着目し、近未来での増殖率が高い利己者(圧倒者:現在の瞬間において相対適応度が高いタイプ)と遠い未来において絶滅する確率の低い利他者(持続者:現在の瞬間において相対適応度が低いタイプ)の間の競争ダイナミクスについて、理論・モデル・実証の各側面から、議論する。特に、単一の定常個体群を前提とした従来の議論では進化し得ない後者のタイプが、群構造、環境変動、共進化などの、実在の生物で頻繁に観察される条件下では維持されることを示した話題を提供して、生物進化における長期的適応度の重要性を議論した。

長谷川英祐・小林和也・石井康規・多田絢一郎(北大院・農・生物生態体系)は、働かないワーカーが存在する社会性昆虫のコロニーシステムにおいて、短期的には非効率であることが長期的な持続を可能にすることを示した。とくに、働かないアリをある程度保持し環境変動に対する社会としての余力を保つことが、運動に伴う疲労という生物にとって不可避な制約が存在する場合、持続可能性を高めることをシミュレーション実験を通して立証した。これらの結果から、適応度が時間と空間構造に依存した概念であることを指摘し、適応度が効率の最適化と一致しない場合があることを明確に示した。単一の定常個体群を仮定した場合、長期的持続が不可能になっても短期的効率が進化するが、現実の生物の個体群構造は時間的、空間的に単一の定常個体群になっていることはほとんどなく、一連の時空構造内で圧倒者と持続者のあいだに長期にわたる共存の競争動態が存在し得ることを議論した。

土畑重人(琉球大・農)は、アミメアリにおける裏切り系統と協力系統の共存について報告した。飼育実験の結果、裏切り系統は協力行動を行わず産卵ばかり行うため、コロニーは徐々に裏切り系統に置き換わり絶滅に向かうことが予測された。しかし集団遺伝学的解析の結果、裏切り系統は他コロニーに侵入しており、さらに集団中で200~9200世代存続していることが推定された。他コロニーへの侵入は、短期的な進化的デッドエンドを回避するために必須であるが、その範囲と頻度も裏切り系統存続の可否に重要である。シミュレーション解析の結果、侵入が空間的に制約されていないと、裏切り系統はすみやかに絶滅してしまうことが明らかになった。集団遺伝学的解析により、個体やコロニーの移動分散の空間制約が検出され、この結果に基づいたパラメータを用いてシミュレーションを行った結果、裏切り系統は協力系統とともに、実証的に推定された期間を存続可能であることが明らかとなった。

吉村仁、成相有紀子(静大・院工)は、生物の共生進化が、過酷な環境への適応として生命の起源から現代に至るまで地質年代において何回も起こっていることを解説した。まず、最初の生命である細菌類は共同体(コンソーシアム)という協力関係を構成して、その存続を図ってきた。このような共同体は、今でも温泉などの嫌気性細菌のバイオマットとして見られる。そして、今日の土壌細菌群集のコンソーシアムや地衣類(藻類と菌類の共生)にも見られるが、地衣類は極地や高地など劣悪な環境での

生存を共生により可能にしている。次に原核生物（細菌類）の共生による真核生物の進化、そして、多細胞化による協力、多細胞生物の器官・組織の分化による細胞間の分業、陸上への進出における群集・群落の形成によるゆるい環境緩和、さらには新生代の動物の受粉・種子散布による被子植物の共生へと進化した。このような進化は、生物としての人間社会での社会性としても進化して、資本主義経済や民主主義などの制度も共同体として進化したと考えることができる。しかし、同時に、環境が許せば、裏切り行為が蔓延して、文明の栄枯盛衰を引き起こすと考えられる。以上のような、共生・協力行動による進化のダイナミクスの見方を提供した。

秦中啓一、小林和幸、比嘉慎一郎（静岡大）は、格子モデルを基礎として演繹した共生系個体群動態の基本モデルを提唱した。生物の種間関係として、3つの典型的な関係が存在する。すなわち、① 競争系、② 捕食（寄生）系、③ 共生系である。① 競争系と② 捕食系については、ロトカ・ボルテラ方程式（LVE）という伝統的基本モデルが存在している。これが生態系動態予測手法として使われている。しかし、LVEは、③ 共生系に対しては使えない。なぜなら、個体数が無限大に増加する場合があるからである。この発散（特異性）問題ゆえに、世界中の生態学の教科書に、共生系に対しての数理的記述がほとんど無いのである。これまで代表者らは、個体ベースのシミュレーションモデルとして、「格子ロトカ・ボルテラ模型」を開発してきた。本研究では、先ず格子上での基本的共生系のシミュレーションモデルを作成する。次に、その平均場理論を共生系方程式として体系化する。これらによって、基本モデルを構築することが可能となるであろう。

以上のように、長期的な適応度および進化の問題に関する最新の知見が紹介された。また、最後に、活発な質疑応答がおこなわれた。

ワークショップ WS03

生態適応と形質分化

山本哲史・小沼順二（京都大学）

生物の外部環境への適応は集団間における表現型の著しい差異をもたらす。また、集団間で異なる環境へ適応した結果、同時に生殖隔離が進化することがある。そのような生態形質の分化機構、およびそれに伴う種分化は、「種の起源」以来、進化学における中心テーマであり続けてきた。本ワークショップ

（以下WS）では、生態形質の分化機構にかかわる研究や、生態適応に伴う種分化に関する研究を異なる研究手法を使って行ってきた5人の研究者に講演して頂いた。

まず、松林氏は「好き嫌いで生じるテントウムシの適応放散」と題して、植食性テントウムシにおける適応放散に関する講演を行った。インドネシア産のテントウムシ *Henosepilachna diekei* は、キク科とシソ科の数種の植物を寄主とする。講演では、それぞれの寄主植物につくテントウ集団は、潜在的に交配可能であるにもかかわらず、野外では各集団は本来の寄主植物以外の植物へは移動しないために、異なる寄主植物を利用するテントウ集団間で生殖隔離が生じていることを、行動実験および分子データによって示した。

伊藤氏は「生態的種分化はAdaptive Dynamics理論で：生態的形質が進化的に分岐する条件と複数形質への拡張について」と題して、Adaptive Dynamics理論に関する講演を行った。本理論での核である進化的分岐について実験生態学者らにも理解しやすいかたちで説明して頂くと共に、適応形質が複数ある状況についての独自のアイデアを紹介して頂いた。自然選択は複数の形質に同時に関わる場合がより一般的であり、これらの新しい理論は、形態統合や多面発現などの問題に取り組む進化発生学者や量的遺伝学者らが生態適応を議論する上で重要なツールとなるかもしれない。

堂園氏は「ヤマハッカ属（シソ科）における送粉者相に応じた形態的・遺伝的分化」と題して、主に野外調査を中心にして送粉者の違いによる植物の花形態の進化に関する研究の講演を行った。ヤマハッカ属のイヌヤマハッカ群についてさまざまな標高で訪問マルハナバチの種を調査した結果、マルハナバチ相を決める主要因は標高であり、また植物の花筒長も標高との間に強い相関が見られた。このことから、標高に対応した地域間のマルハナバチ相の違いがヤマハッカ属の花形態の分化に効いていると考えられた。さらに、分子集団遺伝学的な解析から、このようなマルハナバチ相の違いは、集団間の遺伝的分化にも影響していると考えられた。

本WSの企画者である山本は「クロテンフユシヤクの初冬型と晩冬型の進化」と題して、系統地理解析によって集団進化のプロセスを明らかにした研究を紹介した。クロテンフユシヤクは寒冷地において厳冬期を避けて初冬期と晩冬期に繁殖を行う。系統地理解析の結果、本州以東の初冬型と晩冬型はそ

れぞれ季節型ごとにまとまった系統となり、九州の初冬型と晩冬型は本州の晩冬型系統から進化したことが分かった。従って、初冬型と晩冬型の進化は、本州と九州では独立に生じたと考えられ、このような並行進化現象は初冬型と晩冬型の分化に厳冬期という自然選択が関与していることを強く示唆している。

立田氏は「昆虫の求愛音・擬死音の変異とその遺伝的基盤：量的遺伝学的アプローチによる解明」と題して、昆虫の出す音の量的遺伝学の研究について講演した。講演では、量的遺伝解析が歴史的に発展してきた経緯にも触れながら、スペイン北部のヒナバッタ類の求愛音に関与する遺伝子の数や遺伝効果を求めた研究例を紹介した。また、近年分布を拡大しているイモゾウムシにおいて、地域集団間で擬死音に変異があることを紹介した。

藤村氏は「適応進化した東アフリカ湖産シクリッドの形態」と題して、シクリッドにおける顎形態の初期発生に関する研究について講演した。東アフリカの湖ではシクリッド類が適応放散していることが知られており、顎形態は食性に関する重要な生態形質であると考えられる。成魚の顎形態が異なる2種のシクリッド、ナイルティラピアと *Haplochromis chilotes* を用いて、発生の段階を追って顎形態を幾何学的形態測定法によって解析した。その結果、2種の顎の成長過程はほぼ同じパターンを示した。このことから、成魚の顎形態の差は、成長パターンの違いではなく、発生のごく初期段階の違いによって引き起こされていることが分かった。発生初期のわずかな違いが、異なる環境へ適応した形質を作り出している可能性がある。

最後に、奥山雄大さんに全体のコメントを頂き、参加者の方々とともに総合討論を行った。本WSに参加して頂いた方々には、「生態形質の分化機構」というテーマに対して、現在様々なアプローチによって研究が進められていることを知って頂けたと思う。

ワークショップ WS04

メタゲノム/メタトランスクリプトームが明らかにする生物多様化メカニズム

小倉淳 (お茶大)・池尾一穂 (遺伝研)

次世代シーケンサーやマイクロアレイの発達による大規模解析の進歩とともに、進化におけるゲノムの動態や生物多様性の分子基盤への我々の理解は急速に進んできている。本ワークショップでは、さま

ざまな生物学的興味・仮説を背景にした大規模データ時代の生物多様性に関する進化研究を推進している研究者8名から、メタゲノム/メタトランスクリプトームの観点から話題提供を受けた。

1) 服部正平 (東京大学) : メタゲノム手法により、菌の培養・難培養性にかかわらず構成細菌種のゲノム情報を定量的に解析可能になった。物質循環や環境変動にかかわる土壌や海洋細菌叢の代謝機能、昆虫の共生細菌やヒト・動植物の常在菌等における宿主-細菌間の相互作用機構などに新たな切り口で迫ることができる。次世代シーケンサーを用いたヒト腸内細菌叢のメタゲノム解析について最新の成果が報告された。

2) 末永光 (産業技術総合研究所) : 汚染環境を引き起こす石油成分や化学製品、農薬などに含まれる芳香族化合物は化学的に安定で、汚染物質として問題になっている。そこでメタゲノム手法により、環境中における芳香環分解酵素遺伝子の探索を行った。エクストラジオールジオキシゲナーゼ (EDO) の多様性・新規性のみならず、点突然変異で区別される相同EDO遺伝子群の酵素機能や適応進化の分子基盤が明らかになった。

3) 長井敏 (水産総合研究センター) : 異なる海洋生態系に生息する動植物プランクトンの出現種の情報、ユニバーサルプライマーによるPCR増幅と次世代シーケンサーを用いた遺伝子網羅解析により、全出現種の記録と生物多様性比較を行った。広島湾・石垣島におけるサンプルから、各海域ともに900種以上、合計1500種以上の生物種を同定した。特に、藻類については、藍藻、原核緑藻以外の全ての植物門から多数の種が検出され、ほかにも、原生動物から脊索動物まで多数検出された。

4) 瀬々潤 (お茶の水女子大学) : ゲノムに続く進化を理解する次なるターゲットとして、比較トランスクリプトームに注目が集まりつつある中、マイクロアレイを利用した比較トランスクリプトームプラットフォームを提案した。進化で起こる遺伝子配列の変異がマイクロアレイの定量性に与える影響を調査した上で、多種の遺伝子発現を同時に観測可能なマイクロアレイを設計した。

5) 荻島創一 (東京医科歯科大学) : 近年遺伝子発現および翻訳されたタンパク質群が相互作用して機能するネットワークの複雑化の過程としてみるシステム進化的な視座での進化研究が進展している。比較トランスクリプトーム解析により解明された、ヒト、酵母、マイコプラズマなどのタンパク質間相互

作用ネットワークの機能モジュールの大域的構造および進化プロセスについて報告した。これらの成果は、薬剤ターゲット遺伝子や疾患関連遺伝子との関連からも重要である。

6) 伊藤剛 (農業生物資源研究所) : イネは穀類としての重要性から数多くの品種や野生種が研究されており、生物多様性を知る上で重要である。これまで、国際共同計画として日本晴品種の全ゲノム配列が決定されたが、講演者らは、次世代シーケンサーを用いてゲノム及びトランスクリプトーム解析を行った。まず再シーケンシングによって日本晴ゲノムそのものの高精度化を図ったところ、日本晴品種内でもかなりの多様性があり、サイトあたり $1.0 - 4.5 \times 10^{-5}$ 程度の違いがあることが明らかにした。

7) 小倉淳 (お茶の水女子大学) : 眼の形態は、単純な単眼から、ミラー眼、複眼、ピンホール眼、カメラ眼と多岐にわたり、系統非特異的な進化過程を経ている。形態多様化に関わる因子・ネットワークを推定する為に、様々な眼の形態がみられる軟体動物における比較トランスクリプトーム解析から、これまで考えられてきたような遺伝子ネットワーク下流の変化にとどまらず、上流遺伝子に関しても変異が起きており多様化メカニズムに寄与してきたことが示唆された。

8) 郷康広 (京都大学) : 次世代シーケンサーを使ったRNA-seq法により、チンパンジー親子トリオ (父-母-子) 由来白血球細胞における転写ダイナミクスを調べた。個体あたり3~5Gbの配列を取得しマッピングしたところ数十万のSNPと数万個の転写SNPを発見した。転写SNPはタンパク質翻訳領域より非翻訳領域により多くの多型が存在しており、アリル特異的な転写産物を親子間の比較で、発現制御におけるシス・トランス因子の相対的な役割を調べることに、インプリンティング遺伝子の直接的な発見が可能になった。

講演者らによる最先端の研究成果、たくさんの聴衆の参加、および活発な質疑応答により、実りあるワークショップになった。このワークショップが、今後の講演者、参加者の研究指針の一助になれば幸いである。

ワークショップ WS05 統計的方法論の最前線

下平英寿 (東工大)

進化学は生命科学の研究者だけでなく統計科学の

研究者にとってもエキサイティングである。やりがいのある問題の宝庫であり、高度な数理統計理論を受け入れる伝統がある。それでも生物学の立場からすると統計理論はあくまでも道具であり、必要だが面倒で避けたいという思いもあるだろう。10年ほど前になるが海外の分子系統学の先生に統計理論のことを「誰かがやらなければいけないもの」と言われたことがあり、今でもよく覚えている。このことは承知したうえで、相互の発展のために今後も積極的に交流することが重要であると考えている。

このワークショップではゲノム・分子配列を分析する統計手法を追求し、さらには進化学の問題意識が新しい統計的方法論を生み出す、その現場を紹介しようと試みた。各講演の概要は次の通りである。なお講演者の都合により発表順序を一部変更した。

まず第1演者の下平英寿 (東工大) が、系統樹推定における統計的信頼度について報告した。ベイズ事後確率、SH検定、ブートストラップ確率など様々な信頼度が利用されている。これらの関係をのべ、特にAU検定のためのマルチスケール・ブートストラップ法の解説をした。一般に信頼度はバイアスがありブートストラップ確率ならば false positive、SH検定ならば false negative の傾向がある。信頼度を不偏にするには、データサイズ n に対してブートストラップのデータサイズを形式的に $m = -n$ にすればよいことが示された。これは進化学をきっかけとして得られた、統計学的方法論としても新しい結果である。

つぎに第2演者の長谷川政美 (復旦大) が、ゲノムデータの分子系統樹解析における問題点と、それに対処した事例について報告した。ゲノム規模の大量データでは間違った系統樹が強く支持されてしまうことがある。実際に葉緑体ゲノムデータからグネットム類の系統的な位置を単純なモデルを用いて推定した結果、ある仮説が100%のブートストラップ確率で支持された。しかしこれは系統樹推定の偏りによって誤った結論が得られたと考えられる。偏りを引き起こす原因を考慮して丁寧なモデリングを行った結果、偏りが取り除かれることを示した。

第3演者の岸野洋久 (東大) は、分子進化の種々の問題に対して、マルコフ連鎖モンテカルロ法 (MCMC) を用いたベイズ推定法を報告した。分子時計が厳密に成り立たない状況での分岐年代と進化速度の推定や、ゲノム組み替え推定など、一見複雑な現象でも適宜確率モデルで表現することによりベイズ推定が行える。このようなパラメータ数が多い

状況では、尤度のモデリングだけでなく、正則化項に相当するペイズの事前分布の導入によって安定した推定が得られる。この統計的アプローチの有効性が分子進化の種々の問題で実証された。

第4演者の徐泰健(東大)は配列進化の統計的モデルについて報告した。DNA塩基やアミノ酸の置換を表す配列進化モデルを適切に選ぶことは系統分析等で重要である。本研究ではDNA置換モデル、アミノ酸置換モデル、コドン置換モデルの3種類のモデルを含むような一般的なモデルを考えて、各モデルをサイズ64×64の遷移行列に変換した。これでAICやBICを直接適用して、3種類のモデルが相互にモデル比較できるようになった。これまでは同じグループ内での比較だけが正当化されていた。

第5演者の間野修平(統数研)は、ゲノムの多型データを解析する基礎になる集団遺伝の確率モデルについて報告した。集団遺伝学には100年近くに及ぶ長い研究の蓄積があるが、遺伝子の集合を扱う枠組みとしては未成熟である。複数の遺伝子の関わる現象である組み換え、多重遺伝子族、自然淘汰などを対象として、演者が行ってきたモデリング、解析の成果が紹介された。統計解析に直結するのは標本の性質であるが、一般には解析が難しい。それを母集団の拡散モデルの双対として捉えることが有効であることが指摘された。

ワークショップ WS06

ゲノムから見る微生物進化

本郷裕一(東工大)・中鉢淳(理研)

DNA配列決定コストの削減により、現在までに1,000系統以上の原核生物のゲノム完全長配列データが蓄積している。本ワークショップでは、主に原核生物の機能と進化に関して、ゲノム情報を活用した先端的研究をおこなう研究者に話題を提供してもらい、議論をおこなった。

藤島皓介氏(慶大先端生命科学研)は、ゲノムデータベースから情報学的に抽出したtRNA遺伝子の、イントロンや分断化パターンについての研究を紹介した。藤島氏は、適切なスクリーニング手法を用いることで、複数遺伝子に分断された“split tRNA”を、新たに古細菌ゲノムから多数発見し、これらの断片のシャッフルにより、異なるアンチコドンのtRNAが生じるらしいことを明らかにした。また、分断箇所とイントロン挿入箇所の一致や、イントロンの水平伝播の証拠なども見出しており、tRNAの

起源にも迫る議論をおこなった。

中川草氏(遺伝研)は、ゲノムデータベースを活用した、原核生物における翻訳開始機構の進化に関する研究を紹介した。教科書的には、原核生物では翻訳開始コドンの上流部のShine-Dalgarno (SD) 配列により、リボソーム上での効率的翻訳が達成されると考えられている。ところが、中川氏らの情報学的解析によると、SD配列を持つ遺伝子の割合は分類群によって大きく異なり、SD配列が関与しない翻訳開始機構も一般的に存在することが明らかとなった。一部は未知の機構によるもので、その解明が待たれる。

中鉢淳(理研)は、1億年以上にわたる昆虫-細菌間の必須共生系の進化を、ゲノムスペースで解明する試みを紹介した。中鉢らがこれまで行ってきた宿主昆虫や共生細菌のゲノム解析、トランスクリプトーム解析などについて概観し、アブラムシが、共生細菌*Buchnera*との必須共生系維持に重要な役割を果たすと目される複数の遺伝子を、*Buchnera*以外の細菌から獲得してきたとの発見や、キジラミ共生細菌*Carsonella*のゲノムがオルガネラゲノムと同レベルにまで縮小しているとの知見を紹介し、昆虫の細胞内共生細菌とオルガネラの進化を比較する議論をおこなった。

二河成男氏(放送大)は、マルカメムシの中腸内共生細菌*Ishikawella*の比較ゲノム解析による、共生菌が宿主の生態に与える影響と進化に関する研究の紹介をおこなった。マルカメムシと共生菌の進化生態学的研究については、2009年度に共同研究者の細川貴弘氏が進化学会研究奨励賞を受賞しており、今回はその共生進化をゲノムベースで解き明かそうという試みである。マルカメムシでは、共生菌の系統差が宿主の植性に大きく影響することがわかっており、その機構を解明するヒントが共生菌ゲノム上にあるはずだが、まだ精査が必要なようである。

本郷裕一(東工大)は、シロアリ腸内共生系のゲノム情報に基づく機能解析を紹介した。シロアリは難分解かつ貧窒素の木質のみを餌として繁栄しているが、それは腸内に共生する原生生物と原核生物の働きにより可能となっている。しかし、それら腸内共生微生物の大多数が培養不能であるため、個々の微生物種の機能は不明なままであった。それを本郷らは全ゲノム増幅法を用いて、少数の細菌細胞からのゲノム完全長配列の取得に成功した。その結果、シロアリ腸内細菌が原生生物による木質分解と連動するかたちで窒素固定・アミノ酸合成などを担

うという、高度に進化した多重共生系をもつことを解明した。

荒川和晴氏（慶大先端生命研）は、原核生物複製起点の両方向（リーディング鎖とラギング鎖）で GC skew [= (C-G)/(C+G)] を異ならせる変異・選択圧を、フーリエパワースペクトルによるグラフ形評価と塩基組成勾配のユークリッド距離の組み合わせによって定量化する試みを紹介した。これを用いて、真正細菌と古細菌との複製機構の相違やローリングサークル複製型プラスミドとそれ以外の複製機構の相違などを明らかにした。これは情報学的にゲノム構造形成要因を探っていく、新たな方向性を示す研究である。

以上の6演題により、蓄積するゲノム情報を活用することでこれまでの常識を覆すような発見、考察が可能となることが示された。今回、実験系と情報系研究者の双方が演者をつとめたが、その垣根を越えた研究はますます重要となっている。そうした時代に対応できる研究者の育成も現在の大きな課題である。

ワークショップ WS07

全ゲノム配列時代の進化研究

三沢計治（理研）

現在、進化の謎を解くための比較ゲノム研究が盛んに行われています。次世代シーケンサが日本で結構普及するようになり、僕の知り合いの研究者でも結構多くの方が使い始めています。次々世代シーケンサの噂も聞こえてくるような時代です。このような技術革新のおかげで、比較ゲノムの研究が、『種レベル』から『集団・個体レベル』で行われることによって、さらに詳細な進化研究が可能な時代が来たと言えると思います。とは言え、プログラムの使い方や結果の解析方法など、いろいろと難しいところがあるらしく、なかなか結果を得るのが難しいという話を聞きました。そこで、実際に次世代シーケンサや、それ以外の方法で大量のゲノム配列を得た上で、ゲノム規模のデータを解析して成果を出している人に集まっていただいて、進化学会参加者の皆様が、将来、大量ゲノム配列データ解析を行う時に参考にしていただけるようなお話をいただこうと考えて、『全ゲノム配列時代の進化研究』というタイトルのワークショップを企画しました。

まず遺伝学研究所の長田直樹先生には、「マルチローカスデータを用いた進化生態学的研究」というタイトルでお話をいただきました。理化学研究所の

黒木陽子先生からはヒトの染色体について、現在の標準ゲノム配列では決定されていない部分の配列決定の話をしていただきました。東工大の野口英樹先生からは、クジラのゲノム配列を、比較的近縁なウシだけではなく、ヒトやイヌなども含めて比較することで、クジラが水中の生活をしているために失ったと思われる遺伝子群の検出の話をしていただきました。僕自身も「スーパーコンピュータを利用した全ゲノム規模の大量データ解析について」というタイトルでお話しさせていただきました。

僕自身、「論文にはなく、学会発表にはある特長は、研究者同士の直接のコミュニケーションだ」と考えています。今回のワークショップは、あえて発表者の人数を少なくしました。そこで、一人30分ほどの長さでご講演いただきました。さらに、質疑応答も、十分な時間的余裕を持って行うことができました。そのせいもありまして、論文からはわからないような細かい話を講演者の皆様から聞き、また、普段は聞くことのできないようなアドバイスを会場から受けることができましたと思います。演者の皆様と会場の皆様に感謝したいと思います。このワークショップの参加者の中から、将来、共同研究をする人たちが出ることを祈って筆をおきます。最後に、進化学会のスタッフの皆様にご場をお借りしてお礼を言いたいと思います。ありがとうございました。

ワークショップ WS08

大規模解析から見てきた遺伝子重複による進化—多様性、頑健性、必須性—

花田耕介（理研）・牧野能士（東北大）

重複遺伝子の多くは冗長であるがゆえに速やかにゲノム中から消失するが、有利な突然変異が生じることで稀に新規機能を獲得することがある。このような重複遺伝子の進化機構は40年前に大野乾博士によって提唱され広く受け入れられてきたが、その進化機構については未だ不明な点も多い。本ワークショップでは、重複遺伝子の進化研究を精力的に進めている若手研究者に話題提供を依頼し、活発な議論を行った。

花田（理研）は、重複後の発現変化およびタンパク質変化によって、重複遺伝子の機能分化が起こっていることをシロイヌナズナで示した。しかし、重複後でも、機能分化は頻繁に起こっているのではなく、ほとんど機能分化していない重複遺伝子も数多くゲノムに存在することも報告した。その後、様々

な角度から、重複遺伝子が真核生物のゲノムに多数存在する原因が紹介された。

重複遺伝子が存在する意義を深めるため、多重遺伝子族内での機能分化を研究している五條堀氏（総研大）および新村氏（医科歯科大）が講演を行った。五條堀氏は、色覚に関与する硬骨魚のオプシン遺伝子族（SWS1、SWS2、RH2、LWS）に着目し、同じオプシン遺伝子族であっても重複パターンや重複後の機能分化の程度に偏りがあることを示した。また、オプシン遺伝子コピー数と体色に相関が見られたことは、遺伝子重複が生物進化に直接影響を与えた重要な証拠といえる。新村氏は、脊椎動物最大の遺伝子ファミリーである嗅覚受容体（OR）遺伝子族のコピー数を調査し、種ごとにOR遺伝子数が大きく異なることを見出した。特に、海生哺乳類であるイルカではOR遺伝子が存在せず、このこととイルカの聴覚の発達を関連付けた話題は生物進化を考える上で興味深い知見であった。このように両氏の解析は、色覚や嗅覚に関連する遺伝子は、その環境に応じて重複遺伝子を多様化、多重化させることを示している。

佐藤氏（遺伝研）は、魚類の系統で起きた全ゲノム重複後、イトヨで嗅覚シグナル伝達に関するフォスフォジエステラーゼ1Cが高度に多重化していることに着目し、遺伝子の多重化が表現型に及ぼす影響についてシミュレーション解析を行った。その結果、遺伝子重複によるPDE1C産物量の増加が、OSTが出力する脱分極シグナルを延長させることが示された。また、この脱分極シグナルを延長とマウスの行動学的知見から、遺伝子重複による産物量増加が、イトヨのなわばり行動に影響を与えることが示唆された。

重複遺伝子は機能分化せずとも、遺伝子発現量増加という形で細胞に影響を及ぼす可能性がある。守屋氏は分子生物学的手法を用いて、酵母における遺伝子コピー数の上限を定量するシステムを構築した。解析の結果、コピー数の上限が極端に少ない遺伝子群の存在を突き止め、このうちフォスファターゼ遺伝子CDC14の上限コピー数が低い原因が、その阻害因子NET1との遺伝子量的な不均衡によることを明らかにした。また、酵母の全遺伝子について同様な解析を行い、そのコピー数の上限が少ない遺伝子間には強い相互作用があることを見出した。

牧野（東北大）は、比較ゲノム解析によって全ゲノム重複後にヒトゲノム中に保持された重複遺伝子（オノログ）を同定し、その遺伝子群の進化過程に

おける遺伝子量変化を調査した。その結果、オノログはコピー数の増加が有害な影響を及ぼす遺伝子である傾向が示された。また、遺伝子量増加の観点から染色体異常に着目し、21番染色体が一本増えることで発症するダウン症候群に関連する遺伝子には、多くのオノログが含まれることを明らかにした。

手島氏および田中氏（総研大）は、重複した遺伝子が生き残る過程を理論解析で検証した。田中氏は、母方と父方の両方の染色体で発現する遺伝子においては、優性の度合いが上昇することで両方の重複遺伝子コピーが機能の冗長性を保ったままで固定する確率が上昇することを示した。冗長な遺伝子がどのように集団中に維持されるかは長年議論的になってきたため、本研究が持つ意義は大きい。手島氏は、遺伝子変換によって冗長性を保つ重複遺伝子に着目し、冗長性を保つ重複遺伝子から、機能分化が起こる進化過程を検証した。その結果、遺伝子変換が頻繁に起こっている領域においても、有利な突然変異が集団内に固定することがあり得ることを示した。

当日は、大勢の参加者に本ワークショップへ足を運んで頂いた。多くの参加者とともに活発な議論ができたことは我々が最も望んでいたことである。参加者、講演者、および協力して頂いた全ての方々に感謝したい。

ワークショップ WS09

ヒトはなぜ病気になるのか

～進化学の目で見ると新たなアプローチ

太田博樹（北里大）

ヒトのゲノム中に発見される多型データは、ここ数年の間に膨大な数に上っている。これらの多型データをマーカーとした疾患リスク変異探索、いわゆるゲノムワイド関連解析（GWAS）の成果からこれまでに300個を超える疾患関連ゲノム領域が同定されてきている。同時に欧米では、これら疾患変異の進化学的研究も盛んに行われているが、日本ではいまだあまり認知されていないように思われる。私達のワークショップでは、こうした疾患変異の分子進化、集団遺伝学、遺伝統計学に取り組む研究者が集い、最近の成果について議論した。

もともと本ワークショップのタイトル『ヒトはなぜ病気になるのか?』は長谷川真理子氏（総研大）の著書の同じタイトルから拝借したものであったので、トップバッターとして長谷川氏にキーノート・スピー

一チをお願いした。つづいて大橋順氏（筑波大）、中込滋樹氏（北里大）、間野修平氏（統数研）、柴田弘紀氏（九大）が講演を行った。それぞれの講演を要約すると次の通りだった。（以下、敬称略）

1) 長谷川真理子：人類の進化史と疾患との関わりを解説した。人類の進化史の概説として600万年前果実食、200万年前肉食、20万年前サビエンスの誕生、10万年前アウト・オブ・アフリカ、1万年前農耕開始、500年前都市文明、300年前産業革命を挙げ、ヒトが自然環境を作り替えて自らがその環境に適応する過程で生じる不具合を「第一期：事故や昆虫からの被害（狩猟採集）」「第二期：感染症（農耕）」「第三期：生活習慣病、癌、ストレス（工業化）」のように示した。こうした事例を踏まえ、進化医学の観点の重要性が強調された。

2) 大橋順：理論集団遺伝学的視点から、低頻度有害変異の存在可能性を検討するとともに、そのような変異を検出するための統計学的手法の有効性について論じた。ヒトのゲノム中には1000万以上のSNPが存在する。こうしたSNPをもちいた大規模ゲノムワイド関連解析（GWAS）により、様々なcommon disease（ありふれた疾患）の感受性変異が同定されてきている。こうしたGWASではDNAチップが用いられているが、この方法で同定される感受性変異だけでは疾患発症を十分に説明できない場合が多くあり、低頻度有害変異の発見が期待されることが解説された。

3) 中込滋樹：多因子疾患を人類進化の観点から捉え直す事例としてクローン病を取り上げた。ヨーロッパで同定されたクローン病の感受性変異の8つのうち、7つが日本人クローン病患者では統計学的に感受性を示さず、しかも多型そのものが日本人集団では存在しない事例を示し、それら8つの遺伝子の進化がいかなるものであったか、サビエンス誕生、アウト・オブ・アフリカ、ヨーロッパ人と東アジア人の分岐といった人類進化の段階を追って議論が展開された。

4) 間野修平：パラサイトからの防御によるリスクアレルの維持という仮説について、肝炎ウイルスを例に議論した。疾患のリスクアレルがヒト集団に維持される理由を説明する仮説として、パラサイトからの防御機構が最重要と思われる。ウイルスゲノム分子系統学的な位置が、ウイルス性肝炎から肝癌につながる予測因子となる事例を紹介し、遺伝統計学・分子進化学的手法を如何に応用しているか、具体的な解析事例が紹介された。

5) 柴田弘紀：統合失調症の感受性変異周辺で平衡選択のシグナルが検出されたことについて解説した。統合失調症は遺伝率が80～85%と高い多因子疾患であるが、地域や集団に関わらず均一に出現する特異な多因子疾患であることが紹介された。そして、多くの統合失調症感受性遺伝子周辺領域について塩基配列決定がなされると、いくつかの領域において平衡選択を示す強いシグナルが検出されてきた。これは「ヒトがヒトたるゆえん」を明らかにする手がかりとなるかもしれないというアイデアが議論された。

以上の講演内容に対し、会場からは活発な質問とコメントが出た。同じ時間に別の会場でシンポジウムが催されており、本ワークショップの企画者としては参加者不足が心配であったが、聴取の人数はおよそ50～60人くらいであったと思われる。たいへん盛況の中に幕を閉じた。

ワークショップ WS10 ゲノム進化学の新展開

鈴木善幸（遺伝研）

本ワークショップは、近年のシーケンシング技術の進歩によって蓄積した膨大なゲノム配列データを利用することによる、新たな分子進化学・集団遺伝学研究の方向を考えることを目的として開催された。国内・海外から計6名の研究者を招待し、ご自身の研究内容についてご講演いただくとともに、聴衆をまじえて研究内容についての討論を行った。

1) 鈴木善幸（遺伝研）「ゲノム進化学の新展開」：霊長類やげっ歯類のゲノムには、非レトロウイルス性RNAウイルスであるボルナウイルスのN遺伝子が過去に挿入された痕跡があることが報告された。挿入は、霊長類では約4000万年前以前、げっ歯類では約850万年前以後におこったと推定された。また、脊椎動物や植物に見られるCpG高突然変異性を考慮した同義置換数・非同義置換数推定法が紹介された。解析の単位を従来のコドン（3塩基）からコドンの両隣にある1塩基ずつも含めた5塩基とすることによって、CpG高突然変異性が考慮できるようになった。

2) 隅山健太（遺伝研）「脊椎動物ゲノム重複遺伝子解析で発見された起源が古いcis-elementの機能と進化」：ゲノム重複によって生じた重複遺伝子であるGsh1とGsh2の調節領域に存在する保存された塩基配列には、よく似た組織特異性を示すエンハン

サー活性があることから、これらの重複遺伝子の維持機構としてDDCモデルが適用できないことが示された。生体内ではGsh1の方がGsh2より発現量が高いが、Gsh1をノックアウトするとGsh2の発現量が上昇してGsh全体の発現量が補償される。このことから、Gsh1とGsh2が非対称的に抑制し合うことにより環境の攪乱に対してGsh全体の発現量がロバストになるというモデルが提唱され、このロバストネスに対して自然選択圧が働くことにより、Gsh1とGsh2が維持されていると考えられた。

3) 伊藤剛、坂井寛章、楊静佳、松本隆（農業生物資源研）「イネ属近縁種の比較ゲノム進化解析」：アフリカ栽培イネとアジア栽培イネのゲノムについて、相同な非エクソン領域を40kbごとと比較し塩基置換数を計算すると、その分布は、塩基置換速度が均一であるという仮定のもとで期待されるポワソン分布よりも、塩基置換速度が不均一でガンマ分布に従うという仮定のもとで期待される負の二項分布によく適合することが示された。また、塩基置換速度の不均一性は、アフリカ栽培イネとアジア栽培イネの分岐が比較的最近おこったことから、祖先集団における多様性の影響によるとも考えられ、このモデルは、観察された塩基置換数の分布に更によく適合することが分かった。

4) 由良敬・郷通子（お茶大）「植物オルガネラにおけるRNAエディティング：タンパク質立体構造との関係とエディティング部位の予測」：陸上植物オルガネラmRNAにおいては、特定の塩基座位でRNAエディティングがおこることが知られているが、RNAエディティングによって変化するアミノ酸座位は蛋白質の立体構造中コアにあることが多いこと、RNAエディティングによって変化する塩基座位周辺の塩基配列は数種類のグループに分類できることが報告された。また、RNAエディティングの起源は、植物が進化の過程で陸上に進出した時期にはオゾン層がなかったために、ゲノムDNAに生じてしまうチミジンダイマーの形成を抑制するためであったと提唱された。

5) 後藤大輝（ペンシルバニア州立大）「モウコノウマの遺伝的多様性と分子系統解析」：現存する唯一の野生馬である蒙古野馬と家畜馬との系統関係を明らかにするために、次世代シーケンサーを用いて蒙古野馬の核ならびにミトコンドリアのゲノム配列が決定された。その結果、蒙古野馬には家畜馬よりも分岐年代の古いミトコンドリアハプロタイプが存在することが分かり、蒙古野馬が家畜馬の祖先種

であった可能性が示された。また、蒙古野馬は個体数が13にまで減少し、近親交配が行われたにも関わらず、ある程度の遺伝的多様性が保持されていることが示された。

6) 川崎和彦（ペンシルバニア州立大）「哺乳類誕生以前のカゼイン遺伝子の進化：カルシウムを多く含むミルクの起源」：哺乳類のミルクの主要な構成成分であるカゼインには、カルシウムと結合する蛋白質と、カゼインとカルシウムが形成するミセル構造を安定化させる蛋白質が含まれている。これらの蛋白質遺伝子の構造解析から、それぞれの遺伝子の祖先型が哺乳類とトカゲのゲノム中に存在することが分かった。さらにこれらの祖先型遺伝子は、歯のエナメル質の形成に必要な遺伝子から重複を繰り返して生じたことが明らかになった。これらの結果から、カゼインを構成する蛋白質は、ミルクの起源よりはるか以前に、すでに現在と類似した生化学的特徴を持っていたことが示唆された。

いずれのご講演も興味深く、聴衆をまじえて活発な討論が行われた。本ワークショップにより、講演者ならびに聴衆の皆様の一一人一人の中で、少しでも新たな分子進化学・集団遺伝学研究の方向が見えたならば幸いです。

ワークショップ WS11

生命の起原と初期進化：地質学、地球化学、生化学、分子進化学からのアプローチ

山岸明彦（東薬大）・木賀大介（東工大）

生命の起原の研究が実験化学の対象となってから50年以上になる。生命の起原と初期進化の研究には、天文学、地質学、生化学、分子生物学など多くの分野の研究が関連し、近年急速に進んでいる。例えば、多様な生物の遺伝情報の蓄積、化石の発見、天文学的知見の蓄積といった解析的（トップダウン）アプローチは、生命の初期段階の証拠を与えている。一方、1953年ミラーの実験に始まる「つくる」ことによる構成的な（ボトムアップな）アプローチも、知見の蓄積と生体関連物質の合成手段の発達により、近年生命の諸階層へと広がりを見せている。本WSでは、これら幅広い研究分野の研究者をあつめ、生命の起原と初期進化についての現時点での理解を共有することを目指した。

田村（国立天文台）は、タンパク質に用いられるアミノ酸の光学活性がL体となった原因に関して、星形成領域の赤外線波長における円偏光観測による

発表を行った。これまでは観測例が限られていたが、彼らは新たに近赤外線偏光器SIRPOLを開発し、大質量星形成領域の典型例であるオリオン大星雲中心部の観測を行った。その結果、その中心領域に、円偏光が太陽系の広がり400倍以上のサイズにまで広がっていることを発見した。これほどまでに円偏光領域が広がっていること、また、オリオン大星雲中心部に他に卓越した円偏光領域が見られないことは、本観測で初めて示された。星形成領域の円偏光は、地球上の生命の素となるアミノ酸が「左手型」である原因の一つとして示唆されているが、本発見は、太陽系の形成時に「原始太陽系星雲が、オリオン星雲のような大質量星が生まれる領域に生まれ、円偏光にさらされたこと」により、原始太陽系中のアミノ酸が左手型に偏った可能性を支持する。

小林（横国大）は、生命の誕生に必要な有機物が地球外から届けられた可能性と、その検証法について報告した。隕石、彗星などからアミノ酸前駆体を含む多様な有機物が検出されており、それらが原始地球上へ有機物を運び込んだ可能性が考えられる。小林らは太陽系誕生前の分子雲環境下で模擬星間物質（メタノール・アンモニア・水の凍結混合物）に高エネルギー粒子線を照射することにより、高分子量の複雑なアミノ酸前駆体が生成することを見いだした。これが、太陽系生成時に隕石薄天体や彗星に取り込まれ、さらに変成を受けたものが地球に運ばれたと考えられる。地球への搬入には、微小な宇宙塵（惑星間塵）が主要な媒体であったと推定される。現在、国際宇宙ステーション曝露部を用い、宇宙塵を捕集する計画（たんぼぼ計画）が準備中である。

豊田（東大）は、袋状脂質二分子膜（ジャイアントベシクル、以下GVとよぶ）という原始細胞モデルとして注目されている分子集合体の一つについて紹介した。豊田らは、人工の脂質分子で構成されるGVが、外部から取り込んだ前駆体分子を自らの分子へ変換する化学反応を通じて、自ら成長分裂することを報告してきた。本発表では、この増殖過程のサイクルの構築を目指し、GVの内部に膜透過性の低い基質を膜接合で取り込める遠心沈降プロセスを報告した。極性基が異なる2種類の脂質分子で構成したGVに酵素と基質を内包し、遠心沈降によって容器底面に凝集化すると、GV内部で酵素反応が進行することが顕微鏡観測とフローサイトメトリーによって明らかにされた。今後このプロセスを、GVの増殖過程のサイクルへ応用されることが期待される。

DNAを構成するA, G, C, Tの4種類の塩基は、地球上の生命の遺伝情報分子として必然的に生じたものなのだろうか？あるいは偶然に選択されたものなのだろうか？平尾ら（理研）は、これらの問いに答えるため、人工的に作り出した塩基対（人工塩基対）を組み込んだ人工DNAによる生物システムの開発を進めている。そして、最近では複製や転写で機能する人工塩基対の開発に成功した。これらの結果から、4種類の天然型塩基以外にもDNAの構成要素となりえる塩基が存在するかもしれないことが示された。また、本研究を通して、地球上における核酸塩基の起源については、原始地球上におけるそれぞれの塩基の出現にタンパク質を構成するアミノ酸が関わっている可能性が高いことも示唆された。

続いて木賀（東工大）は、タンパク質合成に用いられる遺伝暗号表に記されたアミノ酸が20種類となった原因について、遺伝暗号の改変によって得られた知見からの議論を行った。遺伝暗号に含まれるアミノ酸の種類を規定する重要な要因が、tRNAと、これにアミノ酸を結合させるアミノアシルtRNA合成酵素である。木賀らは、これらの分子を改変することで、アミノ酸を21種類含む、もしくは、アミノ酸を19種類以下しか含まないように単純化された種々の遺伝暗号表を構築した。この結果は、普遍遺伝暗号表に含まれるアミノ酸が20種類であることは、暗号表の構築における物理化学的な制約でなく、進化的な競争の結果であることを示唆している。木賀は1つの暗号のみが残った要因として、他者と同じ遺伝暗号を持つことで水平伝播によって遺伝子を獲得できることの利点を指摘した。

山岸（東葉大）は地球の誕生後45億6000万年のなかで生命の誕生のシナリオについてレビューした。地学的証拠から生命は40億年前から38億年前のごく短い時間の間に誕生した。山岸は全生物の遺伝子の系統樹を作製し、祖先型配列を推定することから、共通祖先の性質を調べている。以前より、全生物の共通祖先コモノートは超好熱菌であるという提案が行われていた。しかし、超好熱菌説に対して多くの反論も出されていた。山岸はコモノートの配列を導入した変異型酵素を作製するという研究からコモノートは超好熱菌であるという多くの実験結果を得た。また、古細菌、真正細菌の祖先生物の持っていたタンパク質の再現（再生）に成功した。両者の祖先はそれぞれ、超好熱菌、高度好熱菌であると推定された。

このように、生命の起源についての初期条件の解

明と、これに基づく再現実験が飛躍的に進んできていることについて、産加者間で共有することができた。本シンポジウムを機に分野をこえた研究ネットワークが形成され、生命の起原と初期進化についての考察が深化されていくことを期待している。

ワークショップ WS12

生態-進化-発生 (Eco-Evo-Devo) の階層を結ぶ統合的理解へ—生命システムのもつ“やわらかさ”との邂逅

鈴木誉保 (理研)・金子邦彦 (東大)

近年、生態-進化-発生の諸領域をまたいで生命現象を理解しようという試みが始まりつつあります。この異なる時間・空間スケールをまたいだ現象を理解するためには、理論面での整備や諸技術の開発を含めた研究が必要であると期待されます。そこで、本ワークショップでは、網羅的解析、定量的計測、新規のモデル生物の構築といった実験や統計物理や力学系の成果に基づいた理論研究を中心に話題を提供していただきました。

金子 (東大) は、「可塑性と遺伝的同化のゆらぎ理論」という演題で、遺伝子制御ネットワークの進化を探るために、発生ノイズ (同一遺伝型で生じる個体間のばらつき; Vip) という性質を導入し、この性質が進化速度や可塑性にどのように影響するかを、計算機実験を行い物理学理論に基づいて考察しました。一見すると、ノイズそのものは遺伝しないため進化のプロセスに影響しないように考えてしまっても、ノイズの大きさや分布の仕方を決める遺伝子セットは遺伝するために、結果としてノイズのもつ性質がネットワークの進化に影響を与えてしまうということを明確に示しました。

四方 (阪大) は、「遺伝子発現の適応」という演題で、同じ遺伝子型から確率的に生じる表現型多様性が、環境への適応にどのような役割を担うのかについて大腸菌をもちいて調べました。大腸菌が本来持っている遺伝子制御ネットワークを破壊しているにも関わらず、環境中の栄養源の濃度変化に応じて適応的に遺伝子発現が変化することを確認しました。いい加減さが、予期しない環境変化にたいして柔軟な適応性をもたらすことを示しました。

小田 (JT生命誌研) は、「節足動物門における体節形成の進化: ビコイド対ヘッジホッグ」という演題の講演を行いました。節足動物門のすべての動物で観察される体節について、形態の保守性が、発生

プログラムではどのように実現されているかについて調べました。ショウジョウバエの体節形成において上位に位置するビコイド (bicoid) が、オオヒメグモではヘッジホッグ (hedgehog) により担われていることを発見しました。これは、形態レベルでの保守性が、その発生プログラムでの保守性を保証しないことを示しており、発生プログラムのもつ変更可能性を強く示唆しました。以上は、オオヒメグモの実験室内飼育系の確立、マイクロアレイによる網羅解析、WISHによる遺伝子発現解析、RNAiによる機能解析といった諸技術の開発に基づいており、今後非モデル動物を用いた研究にとってよい指針・方法論を提示しました。

岸田 (北大) は、「個体の可塑性がもたらす形質淘汰: 捕食者-被捕食者で考える」という演題で、食う-食われる関係にある2種の両生類 (エゾサンショウウオとエゾアカガエル) の幼生を用い、両種の相互作用により生じる表現型可塑性が各々の個体群動態にどのような変化をもたらすかについて報告しました。サンショウウオ幼生による捕食圧はエゾアカガエル幼生の膨満化を誘導し、一方でその膨満化はサンショウウオ幼生の共食いを招いた。このように捕食圧により可塑的に誘導された被捕食者の形態形質が、捕食関係として上位にいる捕食者に対して可塑性な形質を誘導するという現象を示すことで、生態-発生間の関係が一方通行なものではなく、両者の間にフィードバック関係が成立しうることを強く示唆しました。

鈴木 (理研) は、「枯葉に擬態した蛾・蝶の翅模様にもみられるグラウンドプランと形態統合」という演題で、形態測定法とネットワーク分析による定量解析と比較形態学的手法とを用いることによって、枯葉模様もつ機能的な統合構造とその進化的な成立過程を調べました。枯葉模様もつモジュール構造を明らかにし、この構造が捕食者である鳥の視覚認識による淘汰と強く関連することを考察しました。また、このモジュール構造の成立過程を、統合構造の局所的な結合・消失として明らかにし、シンプルな模様を持つであろう祖先の蛾と比較して、大規模な発生メカニズムの変更がなされてきたことを強く示唆しました。

当日は、立ち見がでるほどの盛況ぶりで活発な議論がなされました。今回、われわれが提示した問題は、多くの聴衆の方々にとっても関心があることの現れだと受け止めております。今後、新たな進化学研究の潮流が生まれることを、企画者一同望んでお

ります。演者の方々には、快くお引き受けいただき、また興味深い講演をしていただけたことに感謝しています。また、機会を与えて頂いた進化学会組織委員の方々にお礼を申し述べておきたいと思います。

ワークショップ WS13

進化発生学の新たな地平をめざして

和田洋 (筑波大)・三浦徹 (北大)

ゲノムレベルでの解析の進歩により新規形質を生み出す分子機構について理解が深まりつつある。幾つかの事例で、形質進化をもたらした分子進化の最大の原動力は、シス制御領域の進化であることがわかってきている。形質の進化は、シス領域の進化の積み重ねで、説明されてしまうのだろうか。そうだとすると今後のエボデボは枚挙的の科学となってしまうのか。そのような問題意識のもとで、形質の進化と分子進化の関係性に、様々な立場からアプローチする5人の演者に話題提供いただいた。

まず、奈良先端大の荻野肇氏から、「パラログ形成にともなうシス調節機構の進化」と題して、*Pax2/5/8* 遺伝子群のシス調節機構の進化に関する興味深い事象が紹介された。これらは、脊椎動物のゲノム重複に伴って生まれたもので、すでにある程度の機能分化が進んでいる。中脳後脳の境界では、*Pax2*, *Pax5* 共に発現するが、前腎では、*Pax2* のみが発現する。しかし、シス調節機構を調べていくと、*Pax5* にも前腎での発現を活性化するエンハンサーがある。このエンハンサーは通常は活性化されないため、*Pax5* は前腎で発現しないと考えられるが、*Pax2* の機能を阻害すると、*Pax5* の発現が前腎で見られるようになるらしい。進化のプロセスで、*Pax2* の発現レベルが低下した場合の補償システムが維持されてきたのかもしれない。遺伝子重複の介在したシス調節機構の進化には、複雑な側面があるようだ。

次に、OISTの川島武士氏に「多細胞動物の体制進化の比較ゲノム学」と題して、さまざまな多細胞動物のゲノム解析に関わってきた中で培ってきた視点などを紹介してもらった。形態形成に関わるツールキット遺伝子が、多細胞動物で共通であることが強調されがちだが、構造遺伝子などを見ると多細胞動物は、ドメインシャッフリングなど様々な形で新規の遺伝子を獲得していることも紹介された。また、刺胞動物の刺胞の進化には、遺伝子の水平感性が関わっているなど、ゲノム進化のダイナミックな側面も紹介された。遺伝子セットの共通性に関して

は、強調されすぎて、現実から離れた印象を与えているのかもしれない。

続いて企画者の一人でもある北大の三浦徹氏から「表現型可塑性に見られる発生生理機構のコオプシオン」と題して、昆虫などに見られる表現型可塑性・表現型多型の発生生理機構と、新たな表現型創出へのポテンシャルを展望してもらった。社会性昆虫であるカドフシアリのカースト分化において、既存の発生プログラムや生理機構を環境状況に合わせて発現することで新たな表現型、すなわちカーストを創出している例が提示された。昆虫のボディプランはモジュール的であるので、体の部位ごとに様々な修飾を加えることで新たな環境に適応して表現型が創出されている。またその中で、幼若ホルモンやインスリンなどの内分泌制御機構が環境要因と発生プログラムの変更との橋渡しをしていることも示された。環境に対してしなやかに表現型を作る発生機構は、表現型進化において重要だという議論があるが、それを可能にするのがそのような内分泌機構なのであろう。

4人目の演者は岡山大の高橋一男氏に「進化的キャパシターの探索：候補遺伝子アプローチとゲノムワイドスクリーニング」と題して、進化的キャパシター探索について、話していただいた。ショウジョウバエの翅の形状をもとに系統内での表現型のばらつきに影響する遺伝子座のスクリーニングの経過状況をお話いただいた。得られてきた候補遺伝子の多くは、翅形成に直接関わる遺伝子であることが報告された。形態形成遺伝子自体がキャパシターとして機能しており、ヘテロ接合体になると、形態形成の安定性が損なわれてしまうという興味深い現象が見えてきた。形態形成遺伝子の小さな変異の中に、表現型のゆらぎを大きくさせる効果があることを示唆するものであり、しかもその影響が特定の形質に限定的であるとする、進化的キャパシターの形態進化への貢献という視点からも非常に興味深い。

最後に、筑波大の丹羽隆介氏から、「酵素活性の変化と生活史の進化：コレステロール代謝酵素Neverlandを例として」と題して、エクジソン生合成経路を担う酵素Neverlandを切り口に、エクジソンをもたないはずの後口動物におけるこの酵素の役割、さらにエクジソンの合成経路を修飾することで、サボテンを餌とすることを可能にした種における、この酵素の進化に関して話題提供いただいた。Neverlandの基質選択性の転換が、新たなニッチへの進出を可能にしたのかもしれない興味深い例を紹介いただ

いた。川島氏と同様、シス調節領域の進化ばかりでなく、遺伝子そのものの進化にも、もっと着目すべきというメッセージを発信いただいた。

エボデボは、今後形質の進化を分子進化と結びつけていく努力を続けるだろう。ただ、おそらくそれは最終目標ではない。個々のシス領域の進化、遺伝子のアミノ酸配列の進化の積み重ねと、形質進化のリニアな関係だけでなく、適応地形の谷を越えられるだろうか。分子進化と形質進化には、まだ我々の知らない関係性、あるいはクセのようなものが隠れていると十分期待させてくれる興味深い現象を、5人の方々に紹介いただくことができた。

ワークショップ WS14

Phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies

中尾央 (京大)・三中信宏 (農環研)

近年、文化進化を研究するにあたって系統学的手法を採用した、文化系統学 (cultural phylogenetics) の研究が盛んに行われている。本WSは、この文化系統学の研究を様々な角度から眺めることを目的とした論文集『文化系統学への招待—文化の進化的パターンを探る』(仮題、勁草書房より刊行予定)の寄稿者を中心に企画されたものである。以下、その内容を簡単に紹介しよう。

中尾は簡単な導入として、文化系統学における近年の展開をレビューした。2000年代に盛んになった文化系統学研究は、系統学的手法が採用された元々の文脈(人類学、言語学、写本系譜学など)での対象や目的の違いを反映し、微妙な違いを見せている。本WSでの諸講演は、まさにこの微妙な違いを際立たせるものとなった。

Tom Currieは、まず文化進化のパターンとプロセスを考察する際に研究者(主に人類学者)たちがいかにしてこの手法を採用しているかを、中尾に引き続いてより具体的に紹介した。続いて、自身の具体的な研究として、南西アジアや太平洋における84のオーストロネシア語族の社会からのデータに基づく、社会・政治構造の進化に関する研究を紹介した。政治構造は複雑さを徐々に益す方向へと進化してきており、社会構造の他の側面は、政治構造が変化する際、急速に変化する傾向にある。これらの研究から分かるのは、社会科学における古くからの問題を考察するにあたって、系統学的比較法を用いることが非常に有用であるということだ。

矢野は、連歌の大成者宗祇の代表的連歌句集『老葉(わくらば)』注本についての系統学的考察を行った。この連歌集には、諸種の無注本・有注本がある。無注本の成立経緯は知られているものの、有注本は宗祇自身の注による祇注本、弟子宗長による長注本、その合成である併注本があつて、成立経緯は未だ明らかにされていない。矢野はかつて宗祇500年忌(2001)にあたり、重みをつけた類似度を導入し、多変量解析を用いて自注本の成立経過などを推定した。同時に、併注本に2つのタイプがあること、長注本には宗長の注からなるものと、祇注に依拠するところの多いもの(祇注依存長注本)の2つのタイプが認められることを報告した。今回は系統学的方法により、長注本がどのような系譜を成しているかを、通常知られていない3写本を含めて考察した。その結果、長注本主要写本は上記の2つのタイプとしてよく、宗長の注のみからなるものはほぼ一つの祖本から来ている可能性が高いこと、祇注依存長注本は、長注本の初期段階か、宗長以外の人物が祇注を参照して編纂した可能性が高いこと、などが明らかとなった。

中谷は、明治の頃に擬洋風建築という、大工が西洋建築を模倣してつくった特異な建築について紹介した。この建築様式は、明治初年から建設が始まって同10年代にピークを迎え、その後日本における本格的な建築高等教育の移転によって消滅した。擬洋風という言葉自体は後世の研究者から名付けられたものだが、大工たちによる「開化」を表わすモチーフの取捨選択の様式的自由さとその出自分析は再考されてよい。発表ではG・クブラーの『時の形(the shape of time)』におけるsystematic ageの概念を紹介しつつ、擬洋風建築各部の分析とその建築全体への統合へのプロセスを検討した。

三中は19世紀前に描かれた最初の文献系図(1827年)を手がかりにして、系統樹図像の背後にある普遍的な思考法の存在について論じた。その上で、祖先から子孫が派生するという意味で系譜を理解するとき、進化するオブジェクト(文化構築物を含む)とは独立に、その系譜を考察する思考法(一般化系統樹思考)が学問分野を越えて発展してきた経緯を振り返った。系統学の目標を「現在から過去を復元する推定」ととらえたとき、推論様式としての系統推定論は図像形式としての系統樹と密接な関係にある。社会的・文化的・宗教的な背景のもとに育まれてきた系統樹は、宗教的な神聖系譜として、また社会的な血縁の表示手段として一千年以上も前から人

間社会に根を下ろしてきた。その後、聖書や写本の文献系図学が18世紀に確立され、言語系統樹や生物系統樹が描かれる19世紀を迎えたのである。

三中が歴史的に示したように、さらには他の発表者による現在の研究からも分かるように、系統学的手法あるいは系統樹思考は対象や目的に応じて様々な形で用いられている。今後も文化に対する系統学的考察は増えていくであろうし、本WSやその企画元である論文集が、日本における文化系統学研究を盛んにしてくれることを願う（なおかつ目指し）たい。

進化学・夏の学校 SS01

新しい分子系統解析論：データ作成から祖先形質復元まで

田辺晶史（筑波大）

去る8月2日、東京工業大学大岡山キャンパスを会場に開かれた第12回大会において、恒例の進化学夏の学校として『新しい分子系統解析論：データ作成から祖先形質復元まで』が開催されました。講師は企画者でもある首都大学東京の田村浩一郎先生、国立科学博物館筑波実験植物園の奥山雄大先生と私が務めさせていただきました。裏番組として公開講演会が開かれていましたし、主なプログラムは3日以降に予定されていた中、多くの方にご参加いただくことができました。この場を借りてお礼申し上げます。本稿ではご参加いただけなかった方のために講義の内容について簡単にご紹介させていただきたいと思います。ご参加いただいた方の復習にも役立つのではないかと思います。

まず、田村先生からは分子進化・分子系統解析用ソフトウェアMEGAの新バージョンであるMEGA5の新機能についてのご紹介と、配列の多重整列における注意点に関する講義がありました。MEGA5では、ついに最尤法による系統樹推定や関連機能が実装されました。多重整列はこれまでのCLUSTALだけでなく、MUSCLEを用いることもできるようになっています。これらの新機能は6月に発行されたVol.11, No.1にてより詳しく紹介されています。興味を持たれた方は是非ダウンロードして実際にお使いになってみて下さい。また、多重整列に関しては、そもそも多重整列には系統樹が必要であり現状は仕方なく仮の系統樹を用いていること、配列によって欠失・挿入の起こりやすさに大きな違いがあるためgap openingやgap extensionのペナルティ値を

適切に設定することで整列が改善するといった指摘がありました。

二人目の私（田辺）からは配列データセット作成時の注意点、系統仮説間の比較を行う際に比較対照となる系統仮説を探す方法、分岐年代推定法という異なる三題のお話をさせていただきました。データセット作成の注意点は、要約すると「解析法の仮定を満たさない変異を除く」ということです。フレームシフトや逆位などがそれに当たります。系統仮説の探し方はブートストラップ解析結果から次点の仮説を得るというものです。分岐年代推定法の説明ではシンプルなNPRS法をまず紹介してから、ベイズ推定法とソフトウェア（mcmctree, BEAST, PhyloBayes）の紹介を行いました。

ラストバッターの奥山先生には祖先形質復元と系統的独立比較法の解説をしていただきました。系統的独立比較とは、複数の量的形質間の相関関係を議論する際に「系統的に近い生物間では表現型形質も当然似ている」という系統自己相関の効果を除くことでより厳密な議論をするための統計解析手法です。最初にMesquiteとBayesTraitsによる祖先形質復元の方法と特徴の説明があり、続いてMesquite上のPDAP:PDTREEプラグインを用いた系統的独立比較法の論理と実際の操作方法をお話いただきました。系統的独立比較はR上のapeパッケージでも可能で、大規模データでの一括処理はこちらを利用した方が良いでしょうとのことでした。奥山先生ご自身のチャルメルソウと送粉者のキノコバエの系における豊富な研究例と共に解説いただくことで受講者の皆さんにも分かりやすいものとなっていたのではないのでしょうか。

以上のように、今回の夏の学校では系統樹の推定そのものは取り扱わず、系統樹推定の準備段階と、得られた系統樹を用いたさらなる解析の理論的な解説やソフトウェアの紹介をさせていただきました。間の段階に当たる系統樹推定を飛ばしてしまっているため、初学者には話の繋がりが悪かったかもしれません。ただ、系統樹推定は色々な情報源がありますが、その前後の処理はこれまで語られることは多くなかったように思います。今回の夏の学校の内容が皆さんのお役に立てましたら幸いです。なお、筆者と奥山先生が講義で用いたスライドを筆者のウェブサイトにて公開しています。夏の学校のタイトルで検索すれば見つかりますのでどうぞご利用下さい。

進化学・夏の学校 SS02

進化教育 夏の学校

嶋田正和 (東大) ・ 中井咲織 (立命館宇治中高)

2012年(平成24年)4月から高校で施行される新学習指導要領に基づく教科書は、高校1年向けの『生物基礎』(2単位、約80~85万人が履修する予想)と上級生向けの『生物』(4単位、約20万人が履修する予想)に分かれる。特に、『生物基礎』は大きく様変わりし、分子生物学を前面に出す現代化、健康・医療への理解、環境と生態系の保全の3点が大きな支柱となっている。大きな改革は随所に見られるが、教科書の冒頭では、長らく続いてきた細胞の単元ではなく、中項目「ア 生物の特徴」—小項目「(ア) 生物の共通性と多様性」から入り、新学習指導要領では「生物が共通性を保ちながら進化した多様化してきたこと、その共通性は起源の共有に由来することを扱うこと」となっている。つまり、進化と系統を軸に、生命界の2つの大きな軸を平易に教える必要がある。これも、中学の新学習指導要領で花の咲かない植物や無脊椎動物などの多様性を教え、その上で、進化の概念を学ぶ体制が出来ているので、高校1年で生物の進化と系統の考え方が冒頭に出るようになった。

最初に新課程の趣旨を、文部科学省学習指導要領作成協力者委員会を務めた松浦克美氏(委員会主査)と嶋田正和(委員の一人)が解説した。まず嶋田は、趣旨説明に続いて、新学習指導要領では動物の行動や生物進化の単元がいかに大きく変化したかを、学習指導要領の文言をもとに、役に立つ参考書の図表入りで説明した。また、松浦氏はゲノム解説がいかに高校生物教科書のブレイクスルーをもたらしたか、メンデル以来の遺伝学の有名な表現型形質(エンドウの種子表皮の皺、ショウジョウバエの白眼など)に取って代わって、代表的な遺伝子をダイレクトに取り上げて説明する方がむしろ分かりやすいことを主張した。

では、現場の教員は、今回の学習指導要領の大きな改訂、特に今回の現代化と進化生物学(分子時計や中立説、分子系統樹が詳しくなる)をどう受け止め、理解しているのか。これについて、東京都生物研究会の早崎博之氏が現場の様子を解説し、鍋田修身氏が各出版社の教科書に対する教師の評価アンケートの結果を報告した。多くの教員は戸惑いながらも前向きに対応しようとしているが、相変わらず進化の理解と教え方は、高校教師には鬼門のようだ。そのような進化に不慣れな教員のために、立命館宇治中学・高等学校の中井咲織は、進化のミニマムエッセンスを、分かりやすく面白く学ぶことができる授業を提案した。進化を十分に理解し、授業の中で自由自在に展開できる教師の場合は、新学習指導要領では水を得た魚となるだろう。中学生・高校生に進化を教えるときのツボを、ぜひ一人でも多くの教員に習得していただきたい。

さらに、山野井 貴浩氏によって、自然選択による適応進化の過程を理解するための教材 origami bird を飛ばす実験と、模型の鳥(ストローで紙の輪を前後2つくっつけたもの)の形の遺伝子変化をもとにMEGAで系統樹を作成する授業は興味深い。最後に、学振PDなどの職を渡り歩いた後、教員免許なしで京都府立高校の生物教師に転進した田中秀二氏は、進化学のサポーター(生物進化に興味や理解がある高校生や一般人)を増やすことが進化学全体の発展に寄与することを強調した。これからは、OECDのPISA(学習到達度調査)で世界のトップを走るフィンランドのように、理系の修士や博士の学位を持つ高校教師が切に望まれる。

最後に総合討論を予定していたが、司会役の嶋田の不幸で10分ほどしか討論できなかったのは申し訳なかった。しかし、斎藤成也会長やMEGA開発者の田村浩一氏もフロアから質疑応答に参加して、とてもありがたかった。「夏の学校」が終わって、熱心な若手や高校教師と打ち揃って大岡山駅前の飲み屋でさらに総合討論の続きを持つことができたのは、素晴らしい経験だった。

研究奨励賞受賞記

鰭から肢への形態進化の理解に むけた発生学的研究

田中幹子

(東京工業大学大学院・
生命理工学研究科)



このたびは日本進化学会研究奨励賞を受賞させて頂き大変光栄に存じますとともに、このような執筆の機会を与えて頂きましたことに感謝致します。

私は、形態進化を引き起こす発生プログラムの変遷を一連の流れとして包括的に理解することを目的として、対鰭と四肢をモデルに研究を行っています。今回、このような機会を頂きましたので、これまでの研究の一部をご紹介させて頂きたいと思えます。

お腹と背中境界面に手足はできる

四肢動物の胴体部をみると、手と足はお腹と背中の間に作られているように見えます。手足はお腹と背中の間にできるように制御されているのか？これは、私が東北大の井出宏之先生の大学院生としてご指導頂いていた頃に抱いた疑問になります。この疑問を解決することを研究テーマとして、ニワトリ胚をモデルにデザインした実験は実にシンプルなものでした。もしも、肢芽が体の背腹の境界にできるように制御しているメカニズムがあるのならば、肢芽ができる領域の腹側の組織を背側に移植して、余分な背腹の境界面をつくれれば、過剰な肢芽ができてしまうと考えたのです。翌日に卵を開けて、期待どおりに過剰な肢芽が生えているのを確認した時は、大喜びをしたことを今でもよく覚えています。これは、結果として、手足をつくるための基本的ルールの一つを見つけた発見になりました¹。さらに、この現象の原因遺伝子を探索したところ、体の腹側区画の外胚葉だけに発現している *Engrailed-1 (En1)* の発現境界に、肢芽先端部の特殊な外胚葉性構造である Apical Ectodermal Ridge (AER) が位置づけられるというメカニズムが存在していることがわかりました。

このような体壁の外胚葉を背腹に区画化するメカ

ニズムは、無顎類ヤツメウナギ胚から軟骨魚類サメ胚にまで広く保存されていることもわかりました^{2,3}。これは、脊椎動物が対鰭を獲得した過程を理解する上で大変重要になります。対鰭を持たない無顎類の体壁の外胚葉であっても、既に背腹区画の境界面に対鰭を位置づける能力は備えていたことを示しているからです。すなわち、原始無顎類が最初に獲得した対鰭は側板中胚葉を覆う外胚葉の *En* の発現境界面に位置づけられた可能性を示唆しているのです。

首から尾にまで手足はできる

脊椎動物の肢芽の AER は体側に沿って外胚葉の背腹境界面上に位置づけられることがわかりました。さらに、その後の研究で、外胚葉の直下の側板中胚葉も首から尾の領域にまで広く肢芽を形成している能力が存在していることもわかりました^{4,5}。

側板中胚葉における肢芽形成能力については、最初のポスドク先となったイギリスの Cheryl Tickle 先生の研究室において解析を行いました。Tickle 先生の研究室では、ニワトリ胚の脇腹に肢芽形成を誘導できることを示しておられたので、まずは、マウス胚の脇腹にも肢芽をつくれるのか調べるところから始めました。その結果、マウスの脇腹にも肢芽は形成されること、しかも過剰な肢芽の AER はちゃんと背腹境界面上に形成されることがわかりました⁴。さらに、首になる側板中胚葉領域にも肢芽をつくる能力はあることもわかりました。私たちは、ニワトリ胚の側板中胚葉を首・手・脇腹・足・尾の区画にわけた因子を探していたのですが、幸運にも手・脇腹・足区画だけで発現している転写因子を見つけ、さらに、この転写因子を首の領域に強制発現させると、首の領域にまで伸長した前肢芽が形成されることがわかったのです⁵。そして、尾になる領域の側板中胚葉組織でさえも指を形成できることもわかりました。ニワトリ胚の尾芽領域の側板中胚葉組織を前肢芽の中に移植するだけで、翼の中に足の指が形成されたのです⁴。

これらの結果は体壁の側板中胚葉は首から尾にいたるまで、肢芽形成シグナルにตอบสนองする遺伝子カスケードは保存されているにもかかわらず、脇腹には肢芽ができないようなシステムが存在することを示しています。そこで、私たちの研究室では、脇腹で積極的に肢芽の形成を抑制するシステムが存在する

可能性を検討しました。その結果、これまでにニワトリ胚で脇腹に特異的に発現する転写因子が脇腹での肢芽形成を抑制することがわかってきました。この研究から、四肢動物に二対に分離した四肢をもたらした原因を理解する手がかりに繋がっていくことを期待しています。

鰭から肢へ

原始脊椎動物の体壁に形成された二対の鰭はやがて四肢へと進化していきました。上陸にむけて対鰭におこった形態変化の最初のステップのうち、鰭内骨格の肥大化は上陸後に体を支えるための重要な変化でした。

私たちが、鰭から肢への形態変化の過程でおこった発生プログラムの変化を理解するヒントを得たのは、サメ胚の胸鰭原基の発生を調べてからでした。四肢動物の肢芽の発生過程では、肢芽出現後すぐに発現する *Shh* 遺伝子が重要な働きを担っていることが知られていました。しかしながら、初期サメ胚の胸鰭原基では *Shh* の発現がいつまでたっても確認できず、かなり発生が進んでから初めて発現が開始しました^{3,6}。この原因を調べたところ、鰭で入れ子状に発現する 5' *Hox* 遺伝子群の転写産物の総量が閾値に達するタイミングが違うために、*Shh* の転写タイミングにずれが生じることがわかりました。たとえば、ニワトリの前肢芽の場合、*Hoxd10* が発現するタイミングで *Shh* が発現できますが、サメの場合、*Hoxd13* が発現するまで *Shh* が発現してきません。しかも、*Shh* シグナリングの働く時間をサメで強制的に延長すると、胸鰭内骨格が肥大化することがわかったのです⁶。

原始脊椎動物が対鰭を獲得した際には、体幹部で入れ子状に発現している *Hox* の発現を取り込んだと考えられています。私たちの結果は、原始対鰭が獲得した *Hox* 遺伝子群の転写産物の総量によっては、*Shh* の発現タイミングが遅かった可能性や全く発現しなかった可能性もあることを示しています。*Hox* の発現レベルの変化による *Shh* の転写タイミングのヘテロクロニーは、上陸前の原始脊椎動物の鰭内骨格を肥大化させた一因かもしれません。

鰭と肢の形態の多様化

対鰭や四肢は、形態の多様化のモデルとしても大変有効です。真骨魚類の腹鰭については、その発生タイミングの遅さゆえに、発生生物学的な研究はほとんど記載がありませんでした。これまでに、Tick-

le 先生の研究室でトゲウオの腹鰭の退化のメカニズムについて、セカンドボストク先のオレゴン大の John Postlethwait 先生の研究室でフグの腹鰭の退化のメカニズムについて研究していましたが⁷、現在、私の研究室では、真骨魚類グループ全体で進化的に方向性をもって観察されるさらに興味深い形態変化に着目した研究を行っています。

真骨魚類では、この巨大グループ全体で進化に伴い腹鰭の形成位置が総排泄孔の近くから、腹位、胸位へと頭側にずれる傾向があるという非常に興味深い特徴をもっています。このような腹鰭の位置の変化は、真骨魚類の行動-生活範囲を広げることに繋がった重要な形態変化になります。そこで、私の研究室では、真骨魚類全の腹鰭の位置が変化してきた分子メカニズムを明らかにすべく研究を展開しています⁸。腹鰭の形成位置の変化は、巨大グループ全体で方向性をもって見られる形態変化であることから、形態進化の方向性にアプローチする手段になりうると期待しています。

四肢の形態も多様に変化しています。四肢の形態を形づくる要因のうち、プログラム細胞死は肢芽の形を削りだし、最終的な四肢形態を左右する重要なシステムであるため、四肢の多様化を理解する鍵となると考えています。しかし、あまり知られていないことですが、これまでに肢芽の細胞死領域で細胞の数を調節するメカニズムはほとんどわかっていませんでした。そこで、私の研究室では、四肢形態の多様化システムを理解するための最初のステップとして、この機構を明らかにすることにしました。現在では、ニワトリ胚を用いた解析により、肢芽の細胞死領域で細胞の数を調節する主要な因子を同定し、さらに複数のダイレクトターゲットも同定することで、長年謎であった肢芽での細胞死数調節機構の全体像を解明しつつあります。これらの成果は、四肢に多様な形態変化をもたらした発生プログラムの変化を理解するための大きな第一歩になったと考えています。

これらの成果は、井出宏之先生の研究室、Cheryll Tickle 先生の研究室、John Postlethwait 先生の研究室、及び東工大の田中研究室で得られた研究成果になります。井出先生、Tickle 先生、Postlethwait 先生には、これ以上は望めないほどのすばらしい環境で自由に研究をさせて頂きました。また、大阪市大在学時には、団まりな先生と金子洋之先生の唯一の学生として贅沢な立場でご指導頂きました。東北大では *Engrailed* の研究で仲村春和先生の研究室で

も多くを学ばせて頂きました。東工大では、岡田典弘先生、広瀬茂久先生、白髭克彦先生、伊藤武彦先生など多くの方々にも多大なサポートを頂いております。また、倉谷滋先生には、学生時代から現在まで進化発生学研究を展開していく上で多くの助言を頂いております。最後に、私は研究室の学生とスタッフに大変恵まれていたおかげで、順調に研究を続けていくことができました。私がこのような賞を受賞させていただいたのは、ここに書ききれないほど多くの方々を支えて頂いたおかげです。この場を借りてお礼を申し上げます。今後は本学会を通じて、新しい研究展開が広がるように微力ながらも貢献させていただければと存じます。

- 1 M Tanaka, K Tamura, S Noji, T Nohno and H Ide (1997). *Dev. Biol.* 182: 191-203
- 2 M Matsuura, H Nishihara, K Onimaru, N Kokubo, S Kuraku, R Kusakabe, N Okada, S Kuratani and M

Tanaka (2008). *Dev. Dyn.* 237: 1581-1589

- 3 M Tanaka, A Münsterberg, WG Anderson, AR Prescott, N Hazon and C Tickle (2002). *Nature* 416: 527-531
- 4 M Tanaka, MJ Cohn, P Ashby, M Davey, P Martin and C Tickle (2000). *Development* 127: 4011-4021
- 5 M Tanaka and C Tickle (2004). *Dev. Biol.* 268: 470-480
- 6 K Sakamoto*, K Onimaru*, K Munakata*, N Suda, M Tamura, H Ochi and M Tanaka (2009). *PLoS ONE*, 4, e5121. (*co-first authors)
- 7 M Tanaka, LA Hale, A Amores, Y-L Yan, WA Cresko, T Suzuki and JH Postlethwait (2005). *Dev. Biol.* 281: 227-239
- 8 Y Murata*, M Tamura*, Y Aita, Y Murakami, K Fujimura, M Okabe, N Okada and M Tanaka (2010). *Dev. Biol.* (in press) (*co-first authors)

研究奨励賞受賞記

イトヨ進化の謎に迫る： 出会いを通して

北野 潤

(東北大学大学院・
生命科学研究所)



このたびは、日本進化学会研究奨励賞に選考頂き誠に有り難うございました。子供の頃から生き物の多様性に憧れていた私にとって、進化生物学とは正にその謎を解き明かす学問のことであり、この賞を頂くことは大変ありがたく名誉なものであります。今後も、日本の進化生物学の発展に微力ながらも貢献していきたいと思っております。

幼少の頃には魚やカエルを捕まえては時間の経つのを忘れる日々でしたが、中学の頃から、どうやって生計を立てて社会で生きていこうかと強く考えるようになり、生物に対する純粋な好奇心は心の奥底にしまっていました。その後、京都大学の医学部に入って医学の勉強をしたのですが、やはり一番

面白かった授業は、分子生物学、生理学など基礎的な科目でした。当時の京大には中西重忠教授がおられ、グルタミン酸受容体をはじめとする記憶に関わる分子を探索しておられました。そのあまりにも面白そうな研究内容に惹かれて、中西研のドアを叩いたのが大学2年の頃で、その後研究室へ出入りする日々が始まりました。いろいろ迷った末、学部卒業後、臨床研修せずにそのまま大学院に進み中西研の大学院生になりました。博士課程の研究課題は、グルタミン酸受容体に結合し機能を制御する分子群の同定でした。大学院時代には、分子生物学や生化学の基礎について世界最先端の研究室で学ぶことができ大変貴重な経験を得ることができました。

学位取得に目処のたった頃から次の進路について迷うようになりました。その時に出会った1つの本がティンバーゲン著の「The Study of Instinct」でした。生き物の不思議な行動を実験的実証的に解明していく様が実に明快に描かれており（もちろん今日から見れば穴があるのは承知の上ですが）、「こんなに面白い研究があるんだ！」とページをめくるたびに心躍りました。と同時に、分子や生化学の知識をこれらと融合させればきっと新しいことが分かるに違いないとも強く確信しました。新しい分野に飛び込む背中を押してくれたのは、人生における二つ

の大きな出来事でもありました。まずは、父親が亡くなったこと。人生が有限であることを強く認識させてくれ、「やりたいことがあるならば、今やらないで何時やるのだ」と決意させてくれました。二番目に、子供ができたこと。我が家は共働きであり、子供が出来るると労働時間に制限ができました。子供が出来るまでは、好きな時間に好きなだけ研究ができた訳ですが、子供がいるとそうはいきません。時間は有限であり、大事なことから優先的に進めなければ、何もしないで人生終わってしまうのではないかという危機感を与えてくれました。

漠然と野外生物の行動の分子機構を研究することを決めたところまではいいのですが、次の問題はどの生物種の何をどうアプローチしたらいいのか、ということでした。ティンバーゲンの本にでてくるイトヨという魚に興味を持ち、いろいろ文献やインターネットを調べると、動物行動学や生態学の分野でかなり研究が進んでいる魚であることが直ぐに分かりました。日本には、森誠一という有名なイトヨ研究者がいることも直ぐに分りました。しかし、本物のイトヨをそれまで実際に見たことがなかった私は、まず本物のイトヨを見る為に、インターネットで探し出した福井県大野市の「本願清水イトヨの里」なる場所へ、2002年の春に出かけました。九頭竜線から降り立った大野市は実に美しい町であり、すぐ好きになりました。その後辿り着いた本願清水にてまず目に飛び込んできたのは、池の中を自由に泳ぎ回るイトヨでした。そこで出会ったイトヨは、私の好奇心をかき立てるのに十分であり、研究というもの原点に戻ったようでした。数年来ケージ飼育のマウスやウサギしか見ていなかった私の心も解放されたようでした。その後今日に至るまでの研究の原動力は、野外で見たり経験したりした生き物の不思議さに対する「好奇心」であり続けています。その日は、さらに重要な出来事として、森誠一教授との出会いがありました。森先生は面識がなかったにも関わらず、私の相談にのって頂き、今日に至るまで共同研究を続けています。

イトヨについてさらに調べていくうちに、ある日、ネイチャーに報告されたイトヨのQTL解析の論文を見つけました。これは、カナダの湖に生息する沖合型イトヨと底生型イトヨの間の形態的差異の遺伝子座を連鎖解析にて研究した論文でした。野外研究が進んでいるイトヨに分子遺伝学を導入しようという彼らの意図や意義はすぐに理解でき、新しい時代が

始まる予感を感じました。そこでまず、シュルター博士とキングスレー博士に、野外イトヨの行動のQTL解析を行いたいと手紙を出したところ、二人からほぼ同じ返事が帰ってきました。「論文筆頭著者のケイティーパイクルが、近々、シアトルのフレッドハッチンソン癌研究所で独立し、行動をメインに研究したいらしいからケイティーに聞いてみたらどうだ」と。その後、直ちにケイティーにコンタクトを取り、直ちにケイティーが当時ポスドクをしていたスタンフォードへ会いに行きました。ケイティーはもともとマウスの発生学で学位を取り、スタンフォード大のキングスレーの研究室に移ってから野外生物の形態進化のモデルとしてイトヨに着目し、遺伝学を導入したのでした。モデル生物から野外生物へ転向するという同じ背景を持っていること、野外の行動の変異の遺伝基盤を明らかにしたいという意気込みをともに共有していたことから、会って直ぐに共感し、その後すぐにポスドクで研究したいとメールをしました。最近ケイティーに会うと、酒の席にて「インタビューの翌日にポスドクになりたいとメールしてきたのは君だけだ」とからかわれつつも、「君をポスドクで採用したのはこれまでで最良の選択だった」ともフォローされます。

その後は、留学用の助成金を申請したりしつつ、ケイティーと森先生と研究テーマを議論し、今回の受賞対象である日本海型イトヨと太平洋型イトヨの種分化の問題に集中することにしました。日本海と太平洋のイトヨが形態的に異なることが1933年に池田によって、遺伝的に異なることが1996年に樋口と後藤によって、行動学的に異なることが2000年に石川と森によって、繁殖生態が異なることが久米らによって報告されていました。そこで、これらイトヨ二型間の生殖隔離機構と求愛行動の分化について、さらに詳細な記載的仕事からまずは始めることにしました¹⁻³。イトヨ研究に転向してから最初の数年は、ただ楽しいというだけでした。太平洋型イトヨはティンバーゲンが記載しているのとはほぼ同じ行動を示したかと思うと、日本海型のイトヨはそれとは全く異なる行動を示し、その違いを最初に見た日は本当に感激し、この謎を絶対に解き明かそうと強く決意したものです。最初は面白がっていたのですが、ただ面白いと言って生き物の不思議に感嘆していても、それだけでは科学にならないし、進化や生態の基礎を学部で学んでいなかった私は、2005～2006年くらいに1つの壁のようなものにぶちあた

ったように思います。自分の記載データをどのように進化生物学全般の中に位置づけて理解しているのか苦悶する日々。行動のQTL解析が当面の目標でしたが、予想以上にその計画は時間を要し、どのような結果になるか分からないのにひたすら雑種イトヨの行動を記録していく単調な日々。実際2006年は、過去の備蓄データも枯渇し、新しい論文も出ないまま終わり、私の業績欄は完全な空欄となっていました。しかし、その間にも教科書や論文を読み込んだり、米国での学会やセミナーで武者修行したりしながら、北米の厳しい環境で進化学と生態学の基礎を学べたことは、現在の肥やしになったと確信しています。

その後しばらくして成果が出始めました。連鎖解析をしていて連鎖群9が奇妙な挙動を示すことに気づき、状況証拠などからY染色体と融合しているのではないかと直感的に気づいたのですが、ケイティーからは「君の解釈は間違っている。追求しなくてよい」と言われ、しかし、そこでめげてはいけません。こっそり実験を行って確認し、さらには院生が染色体観察によって追試して確認されたのでした。種分化の遺伝子がネオ性染色体にマッピングされたという部分までが客観的データであって、そこから先のこと、つまり、ネオ性染色体と種分化の関係がどこまで一般性を持つのかについてはまだオープンクエスチョンで仮説であることは認識しています⁴。言いっぱなしは無責任ですし、今後も、ネオ性染色体と種分化の関係がどこまで一般性を持つのかについて自分自身で検証していきたいと考えています。

野外生物の求愛行動のQTL解析という仕事を最後までやり遂げることができた力の源は、日本海型イトヨの求愛行動をこの目で見た日に「この謎を絶対に解き明かそう」と決意させた好奇心、ならびに、それを後押ししてくれた共同研究者や家族であったと思います。アメリカから帰国する時にケイティーからもらったプレゼントは、ティンバーゲン著の「Curious Naturalist」という本でした。その表紙の裏には、ケイティーの字で「ティンバーゲンが生きていたら君のことをCurious Naturalistと呼ぶでしょう」と書いてありました。

紙面の制約上、触れることはできませんでしたが、ワシントン湖で偶然見つけたイトヨの急速進化の研究も⁵、「なぜ変わったのか?」という好奇心が原動力でした。今後も、素朴な好奇心を原動力にしつつも、質の高い科学的手法を用いて問いにアプローチし、先人の築いてきた科学知識体系の中に自らの成果を位置づけて一般性を見いだす努力をしたいと考えています。

- 1 Kitano, J., S. Mori, and C. L. Peichel (2008). *Behaviour* 145: 443-461.
- 2 Kitano, J., S. Mori, and C. L. Peichel (2007). *Biol. J. Linn. Soc.* 91: 671-685.
- 3 Kitano, J., S. Mori, and C. L. Peichel (2007). *Copeia* 2007: 336-349.
- 4 Kitano, J. et al. (2009). *Nature* 461: 1079-1083
- 5 Kitano, J. et al. (2008). *Curr. Biol.* 18: 769-774.

研究奨励賞受賞記

共生、ゲノム、あるゴッホの絵

重信秀治

(基礎生物学研究所・
生物機能解析センター)



2010年の日本進化学会研究奨励賞をいただき大変光栄に思います。折しも、今年自分の研究室を立ち上げ、ゲノム科学を駆使した共生研究という

研究室の方向性を打ち出したところで、その基礎となったこれまでの研究に対して日本進化学会から賞を頂けたことは大変大きな励みになります。ゲノム科学が次々と新しいサイエンスを切り拓くこの時代に研究できる幸運と、私の研究を支えて下さった多くの方々へ感謝いたします。

Symbiosis Genomics

今回の受賞では「共生ゲノム学を開拓し先駆的な研究を展開している」と評価していただきました。地球上には様々な形の「共生 (symbiosis)」が観察され、進化や生態系における「共生」の重要性に強い関心を持たれています。身近な例では、われわれヒ

トの体は数十兆個の細胞から構成されていると見積もられていますが、実はその約10倍の微生物が体内や体表に存在し、われわれはその多くと共生関係を保っています。腸内細菌はわれわれの消化の補助や、ビタミン類の栄養合成をしてくれるだけでなく、腸の正常発生の遺伝子プログラムの一翼さえ担っています。発生物学の優れた教科書で有名なS. Gilbertは、“Health becomes a matter not of having no bacteria, but of having the right bacteria.”と述べています (Gilbert & Epel 2009. *Ecological Developmental Biology*. Sinauer Associates)。

このように共生研究の重要性は広く認識されるにも関わらず、共生研究は、従来はその相互依存性の高さゆえ、利用可能な解析手法が限定されており、実証的なアプローチの適用が困難な研究分野でした。例えば多くの絶対共生細菌は単離培養が不可能です。このような状況にブレークスルーをもたらしたのがゲノム科学です。ゲノム情報は実に豊かな生物学的情報をわれわれに提供してくれますし、機能ゲノム的手法は強力な機能解析ツールを提供してくれます。私は共生系の中でもきわめて緊密な相互依存関係にあり、モデル系として認知されているアブラムシと共生細菌「ブフネラ」の細胞内共生系を対象として、ゲノム科学的アプローチで共生を理解することを試みてきました。

アブラムシとブフネラに出会ったのは、大学院博士課程で在籍した石川統先生 (東大・理) の研究室でした。半翅目昆虫アブラムシは腹部体腔内に共生器官を持ち、その細胞内に共生細菌ブフネラを恒常的に維持しています。両者の間には絶対的な相互依存関係が築かれ、お互い相手なしでは生存できません。石川先生は共生の分子生物学的研究のパイオニアであり、石川研ではアブラムシ/ブフネラの緊密な共生を支える分子基盤を解明するために様々な分子生物学・生化学的なアプローチが試みられていました。私のミッションはゲノム科学をこの系に導入すること、つまり共生細菌ブフネラのゲノム全塩基配列を決定することでした。私が博士課程に進学した1990年代後半は、1995年発表の*Haemophilus influenzae* のゲノムショットガンシーケンスを皮切りに、バクテリアのゲノムシーケンスが次々と明らかにされるゲノム科学の黎明期と言える時期でしたので、共生細菌ゲノムの全塩基配列決定を目指すのは時代の流れから当然の成り行きだったと言えます。当時の私は目の前のプロジェクトに夢中なだけで壮大なビジョンは決して持っていませんでした

が、これが、私が確立を目指している Symbiosis Genomics のスタートだったといえます。私は石川研と、ゲノム研究の第一人者である榎佳之先生 (理研GSC / 東大医科研HGC) の2つの研究室に所属して、ブフネラのゲノム解析に取り組みました。

果たして、ブフネラの全ゲノム塩基配列をホールゲノムショットガンシーケンス法により解読しました (Shigenobu et al. 2000 *Nature*)。これは共生細菌として世界で初めてのゲノム解析の報告でした。ブフネラのゲノムサイズは640 kbと非常に小さいものでした。このサイズは近縁の自由生活性細菌の大腸菌 (4.6 M) と比べると7分の1に過ぎず、遺伝子数もたった583個しかありません。遺伝子レパートリーの比較解析から、ゲノムの reductive evolution の様相が明らかになりました。つまり、ブフネラの祖先細菌は大腸菌様な自由生活性細菌であり、約2億年にもわたる宿主昆虫との絶対的共生の結果、アブラムシとの共生に不要な遺伝子を進化の過程で失ったのです。この劇的な遺伝子喪失の一方で、宿主が要求する栄養分の合成酵素をコードする遺伝子はしっかりと保持しています。これが、アブラムシが植物の師管液という栄養に偏りのある物質を餌としながらも世界的な農業害虫として忌み嫌われるほど旺盛な繁殖力を持つ理由です。そして、ブフネラのゲノムは生命活動に必須と思われる遺伝子さえも欠いていることが明らかになりました。例えば、ブフネラはリン脂質合成経路の遺伝子をほぼ完全に失っており、この細菌が細胞膜さえも自前で供給できないことを意味しています。メカニズムは不明ですが何らかの方法で宿主から補填されているはずですが、バクテリアと言うよりも、ほとんどオルガネラのような状況にあると言えるでしょう。

ブフネラのゲノムシーケンスを報告した10年後の今年、宿主昆虫であるエンドウヒゲナガアブラムシのゲノム解析結果を発表することができました (International Aphid Genomics Consortium 2010 *PLoS Biol*)。きわめて少人数で行ったブフネラのゲノム解析に対してアブラムシのゲノム解読は100人以上から構成される国際コンソーシアムの成果です。私はこのプロジェクトの期間、米国プリンストン大学のD. Stern教授のラボに在籍し、共生器官のevo/devo研究を行う傍ら、アブラムシゲノムプロジェクトにもコアメンバーとして参加していました。渡米前には小林悟先生 (基生研) のもとのショウジョウバエの研究に従事していてモデル昆虫ショウジョウバエのゲノムにも明かったことが、アブラム

シの遺伝子アノテーションで大いに役立ちました。450 Mbpからなるゲノムを解析した結果、栄養分のアブラムシ/ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で見事に表れていることが明らかになりました。また、多細胞生物としては例外的にバクテリアに対する免疫系の遺伝子の多くが失われていることや、シグナル遺伝子などを含む2000ファミリーもの遺伝子群の重複など、他の昆虫に見られない特徴が明らかになりました。また、私たちは共生器官のトランスクリプトーム解析も報告しました。

Stands on the Shoulders of Giants

私がブフネラのゲノムを追究していて痛感したのは、ゲノム科学と言う新しい研究手法の素晴らしさよりは、むしろ「pre-genome」時代の先人たちの実験や洞察的確さでした。共生の研究は実験的な検証が困難であるにもかかわらず、間接的な証拠を積み上げて導き出された先人たちの結論は、私のゲノム解析結果と面白いほど良く合致するのです。これはちょうど、遺伝子の存在すら分かっていなかった時代に進化の概念を提唱したダーウィンの深い洞察力に脱帽するのに似た感慨でした。

アブラムシとブフネラの共生の研究には長い歴史があります。アブラムシの体内には細胞内に顆粒が詰まった器官が存在することが19世紀の半ばには知られていました。しかし、その器官の機能も顆粒のアイデンティティ（本当はブフネラなのですが）も長い間正しく理解されていませんでした。1858年に T. Huxleyはこの顆粒を卵黄顆粒様物質（pseudovitellus）と報告しています。ご存知の通り T. Huxleyは「ダーウィンの番犬」と称されたダーウィンの強力な支持者であり、いち早くダーウィン進化論の真価を見抜いた人物です。彼ほどの慧眼を以てしてもアブラムシ細胞内の顆粒の正体を見抜けなかったことは、高等動物の細胞内に微生物が共生することが当時の生物学の常識から考えていかに逸脱したことであったかを物語っています。この顆粒が共生微生物だと理解されるまで1910年のPieran-

toniとSuleの発表まで待たなければいけませんでした。彼らの影響を受けて昆虫=微生物の共生研究の分野を開拓したのがP. Buchnerです。彼とその弟子たちは、光学顕微鏡を駆使してアブラムシをはじめとした様々な昆虫の共生器官を徹底的に観察しました。膨大な顕微鏡観察結果から、植物師管液や哺乳類の血液など栄養に偏りのある物質を餌とする昆虫の多くには共生微生物を取納する特殊な器官が存在することに気づきました。そして、共生微生物の機能は宿主の餌に不足している栄養分を補給しているという仮説を提唱しました。この仮説は、後に抗生物質を使った栄養生理学的な実験により証明されることとなります。その後、電子顕微鏡、生化学や分子進化学などそれぞれの時代の最先端の技術を使って、アブラムシ/ブフネラの研究は発展してきました。そして今年、アブラムシとブフネラ両方のゲノム情報がそろって、共生の姿をゲノムレベルで理解することができるようになりました。PierantoniとSuleがブフネラの正体を見抜いてからちょうど100年目の出来事です。

おわりに

ブフネラの学名*Buchnera aphidicola*は上述のP. Buchnerの先駆的な業績に敬意を表して命名されています。Buchnerの簡素ながらも丹念に描かれた共生器官や共生細菌のスケッチは数十年を経た今でもわれわれにインスピレーションを与えてくれます。しごく客観的科学的なスケッチにも関わらず、その筆致にはわれわれの脳を刺激する肉感的な何かを感じます。まるでゴッホの筆遣いのように。ゲノム科学だけでなくバイオイメージングなど様々な技術の進歩のおかげで1塩基もしくは1分子の解像度での解析が可能な時代になりました。そんな高解像度のデータをひとつひとつ積み上げて、いかに骨太なサイエンスの全体像を描くか、これが私のSymbiosis Genomicsの挑戦です。そういえば、ニューヨークのMoMAで出会ったゴッホの「The Starry Night（星月夜）」は、近くで見ても、離れて見ても、強烈なオーラを放っていました。

教育啓蒙賞受賞記

人類の進化と日本人の形成： 博物館における 調査研究から 展示まで

馬場悠男

(国立科学博物館・
人類研究部)



日本進化学会の教育啓蒙賞をいただきましてありがとうございます。全く予想外のことで、斎藤成也会長からEメールで知らされたときは、冗談か間違いではないかと思いました。私自身はたいしたことをしていなかったし、人骨の形態を研究するという手法は最近の進化生物学の中では人気がなかったからです。しかし、博物館において本来なすべき活動の姿が評価されたのだらうと、納得することになりました。

博物館では、調査を行い、資料を集め、同定し、整理し、保存して、研究します。その結果として得られた知見は、学術の世界に発信するのは当然として、特に展示という手法により国民に還元しています。今回は、主にその最初と最後の部分を紹介しましょう。そして、私のように「まあいいか、なんとかなるだろう」人生でも、長い間やっていれば、多少はお役に立てるかもしれないという自己満足的な経験を(反面教師としても)お話ししましょう。

夢多き田舎の少年時代

私は第二次大戦中に東京で生まれたので、母は私を背負って焼夷弾の降る中を逃げ回ったそうです。戦後すぐ、一家は神奈川県座間市に住みつき、私はそこで育ちました。アケビやキイチゴを探して食べた森、フナやカメのいた底なし沼、オニヤンマの羽化を眺めていて学校に遅刻した小川、ヘビをよく捕まえた柴置場など当時の情景が今でも目に浮かびます。

小学校に入学した頃、雑誌『少年』で「鉄腕アトム」の連載が始まり、科学や未来に対する興味が開眼されました。劇画「少年ケニヤ」の主人公ワタルは自分の分身となり、アフリカの野生、恐竜のいた大昔、未知の世界での冒険に憧れました。しか

し、ここまでは、子供の夢の世界でした。

小学校6年生の頃、朝日新聞に『ロンドン-東京五万キロ』という記事が、毎週土曜の夕刊に現地からの電送写真とともに載りました。国産車に乗って見知らぬ国々を巡り、現状をすぐに報告するのです。特に、古代遺跡バビロンを訪ねたり、シリア砂漠で車が故障したりする記事には、自分もその場にいるような気がして胸が高まりました。夢ではなく、いつか手が届く感じがしたのです。

あれこれ迷っていた頃

そんな子供の時の体験や憧れが集約され、人類学の調査研究という道を選んだようです。大学院博士課程1年の時に、東京大学西アジア洪積世人類遺跡調査団に加えてもらって、ネアンデルタール人遺跡の発掘調査に参加し、四輪駆動車で「ロンドン-東京五万キロ」と同じ遺跡を巡ったときは、夢が叶って感激しました。

その後、千葉大と獨協医大で、解剖学の教師をしていました。解剖学には巨視的な体系と微視的な局所が同居し、特に実習では、それを学生とともに理解していく作業が楽しみでした。何より、医者を育てて社会の役に立っているという免罪符がありました。

しかし、自分の研究はポイントが定まりませんでした。更新世の港川人骨の記載比較、明石人寛骨の再検討、縄文時代以降の古人骨の形態分析、人骨計測法の徹底、ヒトと動物の機能解剖とロコモーション、エチオピアでの猿人化石探索なども、研究の軸になるような成果にはつながりませんでした。

日本人の形成：調査研究から展示へ

1988年に国立科学博物館人類研究部に移り、すぐさま「日本人の起源展」という特別展を担当し、私たちが調査研究した約2万年前の「港川人骨」4体を日本人の祖先の代表として広く国民にお披露目しました。博物館人として、自分たちの調査研究の成果を直に国民に還元する最初の機会となり、これこそ天職であると認識しました。それをきっかけとして、書籍や雑誌記事の執筆、テレビ番組の監修・出演なども徐々に始まりました。

2001年には、私たちの科研費特定領域研究「日本人および日本文化の起源に関する学際的研究」を

取材していたNHKのテレビ企画と合体して、「日本人はるかな旅」という特別展を行いました。ちょうどそのときに「旧石器遺跡捏造」が発覚し、以前からインチキだと公言していた私は、検証委員の1人にならされ、検証中の小鹿庇遺跡出土の石器をこの特別展で展示しました。

この事件を契機に、更新世であるかどうか問題となった人骨の研究もさらに進みました。今では、若手による沖縄での更新世人骨の調査研究も成果を上げています。

ジャワ原人化石の調査研究

さて、少し戻り1986年、不惑の歳を過ぎて、東大の人類学教室教授だった渡邊直経先生が、1975年以來インドネシアで続けていたジャワ原人化石の調査に加わらせてもらい、新しく発見されたホモ・エレクトスの脛の骨を研究することになりました。それが、自分の調査フィールドを持ち、研究のポイントをかなり絞ることにつながりました。

渡邊先生のプロジェクトが1990年に終了してからは、化石研究の面では自分が代表となって推進し、徐々に成果が上がっていきました。文科省科研費あるいは国立科学博物館のプロジェクト経費をいただいて、毎年必ず調査に出かけ、現地の研究者や調査地の人々とも親密な人間関係を築くことができました。

1996年の「ピテカントロプス展」もそんな協力関係の成果で、インドネシア中のジャワ原人化石を借用して、アジア人の進化を紹介しました。天皇・皇后両陛下もご覧下さり、インドネシアとの国際親善にも貢献しました。

2001年には、以前から訪れていたサンブンマチャンという調査地で地元民が保存状態の良い頭骨化石を発見し、それを元に、2003年には海部陽介・諏訪元・河野礼子さんたちの協力により、「サイエンス」誌上で、ジャワ原人が独自の進化を遂げて絶滅した証拠を示すことができました。

さらに、2003年に発見された超小型原人ホモ・フロレンシエンシス化石の研究にも海部さんと一緒に加わり、2010年にはその生体復元像と一緒に作りました。

常設展示更新のまとめ役

博物館の真価は常設展示で問われます（もちろん所蔵標本や研究が重要ですが）。国立科学博物館では2004年に地球館、2007年に日本館のリニューアルが完成しましたが、私はその数年前から展示全体の研究者側のまとめ役をすることになりました。

展示の学術的内容に関しては、貴重な資料と優秀な研究者がそろっているので、心配ありませんでした。いかに、わかりやすく、おもしろくするかが問題でした。特に、最新電子機器を使った来館者の個性に応じた情報提供という先端的発想と、上質な展示物と文字解説を中心とする古典的発想の調整が大変でした。幸いにも、ほどほどのバランスで魅力的な常設展示が完成し、最近ではカップルのデートコースにもなっています。

私個人は古代の人々の生体復元20体ほどを担当しました。それは科学と芸術の融合であり、復元の場面設定を演出するのが楽しみでした。もちろん、今までの解剖学と人類学の経験が集約されました。

小中高校における人類学の教育普及

日本人類学会は、私が会長だったときに提案して、学校教育において適切な人類学や人類進化の教育がなされるような活動を始めました。現場の先生方の研修会を開いたり、教育プログラム開発を手伝ったり、学習指導要領改定に合わせて、教科書会社に資料を送り教科書執筆の参考にしてもらったりしています。ヒトの身体や進化を題材として科学に親しむきっかけにしておうという意図もあります。日本学術会議の自然人類学分科会でも、この課題を推進しています。

迫り来る文明崩壊をどうするか

昨年、国立科学博物館を停年退職し名誉研究員となりましたが、基礎的研究データを採取することから様々な普及活動まで、萎えかけた気力と惚けかけた頭で何とかやっています。最後に気がかりなのは、人口爆発・資源枯渇・食糧危機による文明崩壊です。私たちはタイタニック号の乗客で、すでに氷山にぶつかってしまいました。子供や孫たちが悲惨な状況に陥らないように、何ができるでしょうか。

日本進化学会事務局活動報告 (2009年11月～2010年8月)

2009年

11月30日 日本進化学会ニュースVol.10 No.2発行

2010年

1月1日 斎藤成也会長が就任、新執行部が発足。

1月22日 橋本幹事、生物科学学会連合第24回連絡会議に出席 (東京大学山上会館)

1月27日 第10回日本進化学会賞・研究奨励賞・教育啓蒙賞の公告

5月12日 学会賞選考委員会開催 (クバプロ)

6月22日 日本進化学会ニュース Vol.11 No.1発行

7月7日 高橋幹事、男女共同参画学協会連絡会

第8期第3回運営委員会に出席

7月13日 決算案・予算案ならびに会計監査 (クバプロ)

8月4日 評議員会

その他

・学会ウェブサイトの運営

・大会における高校生ポスター発表の企画

・各種講演会、学会等への協賛、後援

・日本進化学会10周年記念出版事業について、執筆作業にとりかかった。

◇学会後援・共催等についての報告◇

イベント名称	主催団体	開催日	
ダーウィンの後輩たちは語る ーナチュラルヒストリの魅力ー	藤原ナチュラル ヒストリー振興財団	2009.10.24	後援
京都賞記念ワークショップ	稲森財団	2009.11.12	協賛
「京都賞」受賞記念東京講演会		2009.11.16	後援
ダーウィン生誕200年ーその歴史的現代的意義ー	日本学術会議	2010.12.5	共催
ISAB2010		2010/07/22～2010/07/24	協賛
International Symposium on Biodiversity Sciences 2010		2010/07/31～2010/08/03	協賛
女子中高生のための夏の学校	男女共同参画学協会連絡会	2010/08/12～2010/08/14	協賛
東レ科学振興会 科学講演会	東レ科学振興会	2010.9.17	後援
国際霊長類学会		2010/09/12～2010/09/18	後援

日本進化学会2010年度評議員会

【日時】 2010年8月3日 10:00～12:00

【場所】 東京工業大学 蔵前会館 3階 会議室LS
(出席9名、欠席11名、[委任状11名])

【議題】

第1号議案 2009年9月～2010年8月業務報告
学会事務局の(株)クバプロより業務報告が行われ、了承された。

第2号議案 2009年度決算報告
佐々木顕会計幹事より2009年度決算が資料をもとに報告され、全会一致で承認された。

第3号議案 2010年度中間決算ならびに2011年度予算案
佐々木顕会計幹事より2010年度中間決算ならびに2011年度予算案が資料をもとに説明され、全会一致で承認された。

第4号議案 学会賞・木村賞、研究奨励賞、教育啓蒙賞の報告

田村浩一郎事務幹事長より、5月12日に開催された選考委員会の報告がなされた。

第5号議案 各幹事からの報告

池尾一穂庶務幹事より、日本進化学会賞メダルの在庫が少なくなっているとの報告があり、今後のあり方について引き続き検討していくこととなった。

第6号議案 学会後援・共催等についての報告

田村浩一郎事務幹事長より、日本進化学会が後援、共催、協賛を行った各種学会、講演会等について報告があった。

第7号議案 学会創立十周年記念出版事業の進捗について

斎藤成也会長より学会創立十周年記念出版事業

の進捗について報告があった。

第8号議案 2010年度学会準備状況報告

岡田典弘大会委員長が欠席のため、西原秀典実行委員より大会準備状況について報告があった。

第9号議案 2011年度学会準備状況報告

斎藤会長より、2011年度大会について以下の報告があった。

2011年度日本進化学会大会は、阿形清和評議員が大会委員長を務め、2011年7月26~31日の日程で京都大学にて開催される予定である。また、SMBE (Society for Molecular Biology & Evolution) の大会との合同開催となる予定である。

第10号議案 2012年度大会開催候補地について

2012年度大会開催地について和田洋渉外幹事より、村上哲明会員、田村事務幹事長を中心に首

都大学東京で開催される予定であることが報告され、全会一致で承認された。田村事務幹事長より大会開催にあたっての挨拶があった。

第11号議案 その他

斎藤会長より会則第5条3の改正について提案があり、全会一致で承認され、8月4日の総会に提案することとなった。

(現行)

3. 幹事は、会長とともに幹事会を構成し、会長を助け本会の運営にあたる。幹事会の議長を会長が務める。

(改正案)

3. 幹事は、会長・副会長とともに幹事会を構成し、会長を助け本会の運営にあたる。幹事会の議長は会長が務める。

日本進化学会2010年度総会報告

【日時】 2010年8月4日(水)、16:15 ~

【場所】 蔵前会館1F くらまえホール (S会場)

【報告事項】

- 1) 2010年度大会報告 [岡田典弘大会委員長]
- 2) 評議員会開催報告 [斎藤成也会長]
- 3) 2009年9月~2010年8月業務報告 [クバプロ]
- 4) 2009年度決算報告ならびに会計監査報告 [佐々木顕会計幹事]
- 5) 進化学会賞・木村賞、研究奨励賞、教育啓蒙賞の報告 [田村浩一郎事務幹事長]

6) 学会創立十周年記念出版事業の進捗について

[斎藤成也会長]

7) 2011年度大会準備について [斎藤成也会長]

【審議事項】

- 1) 2010年度中間決算ならびに2011年度予算案 [佐々木顕会計幹事] (承認)
- 2) 2012年度大会開催地について [斎藤成也会長]
- 3) 会則の改正について [斎藤成也会長]
- 4) その他

進化学会賞・木村賞、研究奨励賞、教育啓蒙賞の報告

【日時】 2010年8月4日(水)

【場所】 蔵前会館1F くらまえホール (S会場)

●授賞式

- 1) 日本進化学会・斎藤成也会長(学会賞選考委員長)による受賞者と受賞理由の説明
- 2) 公益信託進化学振興木村資生基金・木村克美運営委員長によるご挨拶(木村基金の経緯と今年度の木村賞授賞者の報告)

3) 授賞式

○日本進化学会賞/木村賞受賞者

西田 睦 [にしだ むつみ]

- 1. 日本進化学会・会長:「日本進化学会賞」の

賞状授与、木村メダルの授与

2. 木村基金・木村運営委員長:「木村賞」の賞状授与、副賞目録授与

○研究奨励賞受賞者(賞状授与)

田中幹子 [たなか みきこ]

北野 潤 [きたの じゅん]

重信秀治 [しげのぶ しゅうじ]

○教育啓蒙賞受賞者(賞状授与)

馬場悠男 [ばば ひさお]

●受賞講演・西田 睦 博士

※選考過程、授賞理由等の詳細については前述のとおり

2009年度収支報告書

収入	2009予算	2009決算	差異	備考
① 会費収入	3,443,487	3,974,437	530,950	
(1) 一般会費	2,328,000	2,216,000	-112,000	
(2) 学生会費	538,800	486,000	-52,800	
(3) 滞納分	545,880	544,000	-1,880	
(4) 前受金		696,000	696,000	
(5) 口座引落手数料本人負担分	30,807	32,437	1,630	引落手数料163円×199名
② 利息		726	726	
③ 誤入金			0	
④ 大会事務局より返金			0	
当期収入合計	3,443,487	3,975,163	531,676	
前年度繰越金	245,811	245,811	0	
本年度収入合計	3,689,298	4,220,974	531,676	
支出	2009予算	2009決算	差異	備考
① ニュース作成・印刷料等	1,050,000	927,465	-122,535	Vol.10 No.1 No.2
② ニュース送料	320,000	217,100	-102,900	Vol.10 No.1 No.2
③ 業務委託費(前半期・後半期分)	974,820	974,820	0	
④ 事務費・通信費	495,000	301,454	-193,546	
(1) 選挙関連費	270,000	118,812	-151,188	進化ニュースVol.10 No.2に同封して発送
(2) その他	225,000	182,642	-42,358	
a 発送通信費	50,000	160,930	110,930	
b 学会封筒代	100,000		-100,000	
c 学会用賞状・筆耕費用	75,000	21,712	-53,288	
⑤ 寄付金	30,000	30,000	0	国際生物学オリンピック
⑥ 会議費	50,000	13,920	-36,080	
⑦ 旅費、交通費	100,000	440,090	340,090	評議員会交通費等
⑧ 負担金	65,000	45,000	-20,000	
(1) 生物科学学会連合運営費	30,000	30,000	0	
(2) 日本分類学会連合分担金	10,000	10,000	0	
(3) 自然史学会連合分担金	20,000	0	-20,000	
(4) 男女共同参画学会費	5,000	5,000	0	
⑨ 雑費	43,000	47,400	4,400	
(1) SMBCファイナンス手数料	40,000	41,805	1,805	
(2) 振込手数料	3,000	5,595	2,595	
⑩ 謝金	50,000		-50,000	
⑪ 大会援助金	500,000	500,000	0	
⑫ 創立十周年記念企画準備金	0	0	0	
⑬ その他	0	0	0	
当期支出合計	3,677,820	3,497,249	-180,571	
次年度繰越金	11,478	723,725	712,247	
本年度支出合計	3,689,298	4,220,974	531,676	
2009年 収入－支出	0	0	0	

通帳残高

普通預金 (三井住友)	476,844	2009年12月31日現在
郵便振替	246,000	2009年12月31日現在
郵便貯金	881	2009年12月31日現在
現在残高	723,725	2009年12月31日現在

2010年度中間決算報告書

収入の部

費目	2010予算	2010中間決算	備考
① 会費収入	3,420,048	1,920,481	
(1) 一般会費	2,150,400	1,431,000	
(2) 学生会費	506,000	248,000	
(3) 滞納分	733,648	157,000	
(4) 前受金		54,000	
(5) 口座引落手数料本人負担分	30,000	30,481	
② 利息		133	
③ 誤入金			
当期収入合計	3,420,048	1,920,614	
前年度繰越金	723,725	723,725	
収入合計	4,143,773	2,644,339	

支出の部

費目	2010予算	2010中間決算	備考
① ニュース作成・印刷料等	1,050,000		Vol.10 No.1発行済み
② ニュース送料	320,000		Vol.10 No.1発送済み
③ 業務委託費(前半期・後半期分)	974,820	487,410	前半期
④ 事務費・通信費	235,000		(1), (2) の合計
(1) 選挙関連費	0		
(2) その他	235,000	0	
a 発送通信費	100,000		
b 学会封筒代	100,000		
c 学会用賞状・筆耕費用	35,000		
⑤ 寄付金	0		国際生物学オリンピック開催寄付
⑥ 会議費	1,000		
⑦ 旅費、交通費	100,000	111,650	
⑧ 負担金	65,000	50,000	(1), (2), (3), (4) の合計
(1) 生物科学学会連合運営費	30,000	30,000	
(2) 日本分類学会連合分担金	10,000		
(3) 自然史学会連合分担金	20,000	20,000	
(4) 男女共同参画学会費	5,000		
⑨ 雑費	43,000	37,385	
(1) SMBC ファイナンス手数料	40,000	34,655	年2回 (会員数に応じて変動する)
(2) 振込手数料	3,000	2,730	

⑩ 謝金	10,000	0	
⑪ 大会援助金	500,000	500,000	
⑫ その他	0	0	
当期支出合計	3,298,820	1,186,445	
次年度繰越金	844,953		
現在残高	844,953	1,457,894	平成21年6月30日現在
支出合計	4,143,773	2,644,339	

通帳残高

普通預金（三井住友）	462,013	2010年6月30日現在
郵便振替	995,000	2010年6月30日現在
郵便貯金	881	2010年6月30日現在
現在残高	1,457,894	2010年6月30日現在

2011年度予算案

収入の部

費目	2009決算	2010予算	2011予算	備考
① 会費収入	3,974,437	3,420,048	3,344,000	
(1) 一般会費	2,216,000	2,150,400	2,280,000	会員950人納入率8割で計算
(2) 学生会費	486,000	506,000	490,000	会員350人納入率7割で計算
(3) 滞納分	544,000	733,648	544,000	2009年実績
(4) 前受金	696,000			
(5) 口座引落手数料本人負担分	32,437	30,000	30,000	
② 利息	726			
③ 大会要旨集売上				
④ 大会より返金				
当期収入合計	3,975,163	3,420,048	3,344,000	
前年度繰越金	245,811	723,725	844,953	
本年度収入合計	4,220,974	4,143,773	4,188,953	

※会費収入は2010年度の会員数を元に算出

支出の部

費目	2009 決算	2010 予算	2011 予算	備考
① ニュース作成・印刷料等	927,465	1,050,000	945,000	(472,500)×年2回 (B5版)
② ニュース送料	217,100	320,000	220,000	(110,000)×年2回
③ 業務委託費(前半期・後半期分)	974,820	974,820	974,820	
④ 事務費・通信費	301,454	235,000	495,000	(1), (2) の合計
(1) 選挙関連費	118,812	0	200,000	評議員選挙費用
(2) その他	182,642	235,000	295,000	(a), (b), (c) の合計
(a) 発送通信費	160,930	100,000	160,000	
(b) 学会封筒代	0	100,000	100,000	
(c) 学会賞用賞状・筆耕費用	21,712	35,000	35,000	
⑤ 寄付金	30,000	0		国際生物学オリンピック
⑥ 会議費	13,920	1,000	1,000	
⑦ 旅費、交通費	440,090	100,000	150,000	
⑧ 負担金	45,000	65,000	65,000	(1), (2), (3), (4) の合計
(1) 生物科学学会連合運営費	30,000	30,000	30,000	
(2) 日本分類学会連合分担金	10,000	10,000	10,000	
(3) 自然史学会連合分担金	0	20,000	20,000	
(4) 男女共同参画学年会費	5,000	5,000	5,000	
⑨ 雑費	47,400	43,000	43,000	(1), (2) の合計
(1) SMBC ファイナンス手数料	41,805	40,000	40,000	年2回 (会員数に応じて変動する)
(2) 振込手数料	5,595	3,000	3,000	
⑩ 謝金		10,000	10,000	
⑪ 大会援助金	500,000	500,000	500,000	
⑫ その他		0	0	
当期支出合計	3,497,249	3,298,820	3,403,820	
次年度繰越金	723,725	844,953	785,133	
本年度支出合計	4,220,974	4,143,773	4,188,953	

編集後記

今号は8月2日(月)から8月5日(木)までの4日間、東京工業大学大岡山キャンパスで行われた第12回日本進化学会大会(東京大会)の特集号です。猛暑にもかかわらず大変な盛況でした。シンポジウムやワークショップを主催した皆さんには、内容のご報告をお願いしました。お忙しいなか、非常に有用な記事を執筆していただくことができました。今回の大会に参加されなかった方、また参加したけれど聴き逃した方にもお楽しみいただける内容になったかと思えます。

さらに、今回奨励賞を受賞された3名の皆さんには熱いメッセージがこもった素晴らしい受賞記を執筆していただきました(必読です!)。今号には間に合いませんでしたが、次号には進化学会賞・木村賞を受賞された西田睦先生の受賞記も掲載される予定ですのでお楽しみに。

なお、本年から1号のみ印刷製本し、経費節減のために2号と3号(本年度から年間3号)はPDF版のみとなることが幹事会で決定され、総会でも承認されました。したがって本号がPDF版のみのニュース第一号となります。使いやすい電子書籍リーダーが相次いで発売されている今日この頃、本格的なペーパーレス時代が始まりそうです。今号の校正も通勤途中のiPad上ですべて済ませました。ちなみに最近、私のレーザープリンタは開店休業です。

日本進化学会ニュース Vol. 11, No. 2

発行：2010年11月30日

発行者：日本進化学会（会長 斎藤成也）

編集：日本進化学会ニュース編集委員会（編集幹事 宮正樹）

発行所：株式会社クバプロ 〒102-0072 千代田区飯田橋3-11-15 UEDAビル6F

TEL：03-3238-1689 FAX：03-3238-1837

<http://www.kuba.co.jp> e-mail：kuba@kuba.jp

日本進化学会 入会申込書

<年月日(西暦)> 年 月 日 No.

ふりがな
名 前

ローマ字

所 属

所属先住所または連絡先住所

〒

TEL

FAX

e-mail

以下から選ぶかまたはご記入下さい(複数記入可)

専門分野 人類、脊椎動物、無脊椎動物、植物、菌類、原核生物、ウイルス、理論、
その他()

研究分野 分子生物、分子進化、発生、形態、系統・分類、遺伝、生態、生物物理、情報、
その他()

以下から選んで下さい

一般会員 ・ 学生会員

注) 研究生や研修生などの方々の場合、有給ならば一般会員、無給ならば学生会員を選んで下さい。
学生会員は必要に応じて身分の証明を求められる場合があります。

申込方法/上記の進化学会入会申込書をご記入の上、下記の申込先へ郵便・FAX・e-mailでお送り下さい。
申 込 先/日本進化学会事務局 〒102-0072 千代田区飯田橋3-11-15 UEDAビル6F (株)クバプロ内
●TEL: 03-3238-1689 ●FAX: 03-3238-1837 ●http://www.kuba.co.jp/shinka/ ●e-mail: shinka@kuba.jp

<年会費の納入方法>

【年会費】

一般会員 3,000円 / 学生会員 2,000円
賛助会員 30,000円(一口につき)

【納入方法】

① 銀行振込みをご利用の場合

(銀行名) 三井住友銀行 (支店名) 飯田橋支店
(口座種類) 普通預金口座 (口座番号) 773437
(口座名義) 日本進化学会事務局 代表 株式会社クバプロ

② 郵便振込みをご利用の場合

(口座番号) 00170-1-170959 (口座名義) 日本進化学会事務局