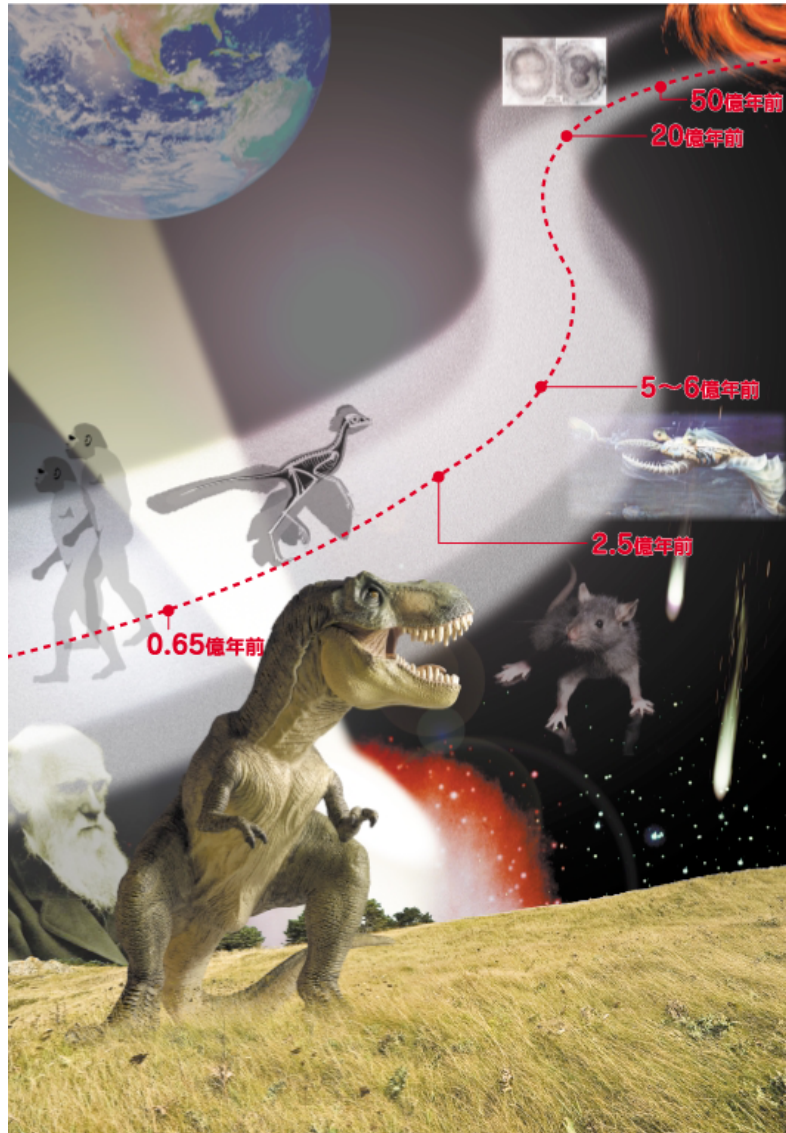


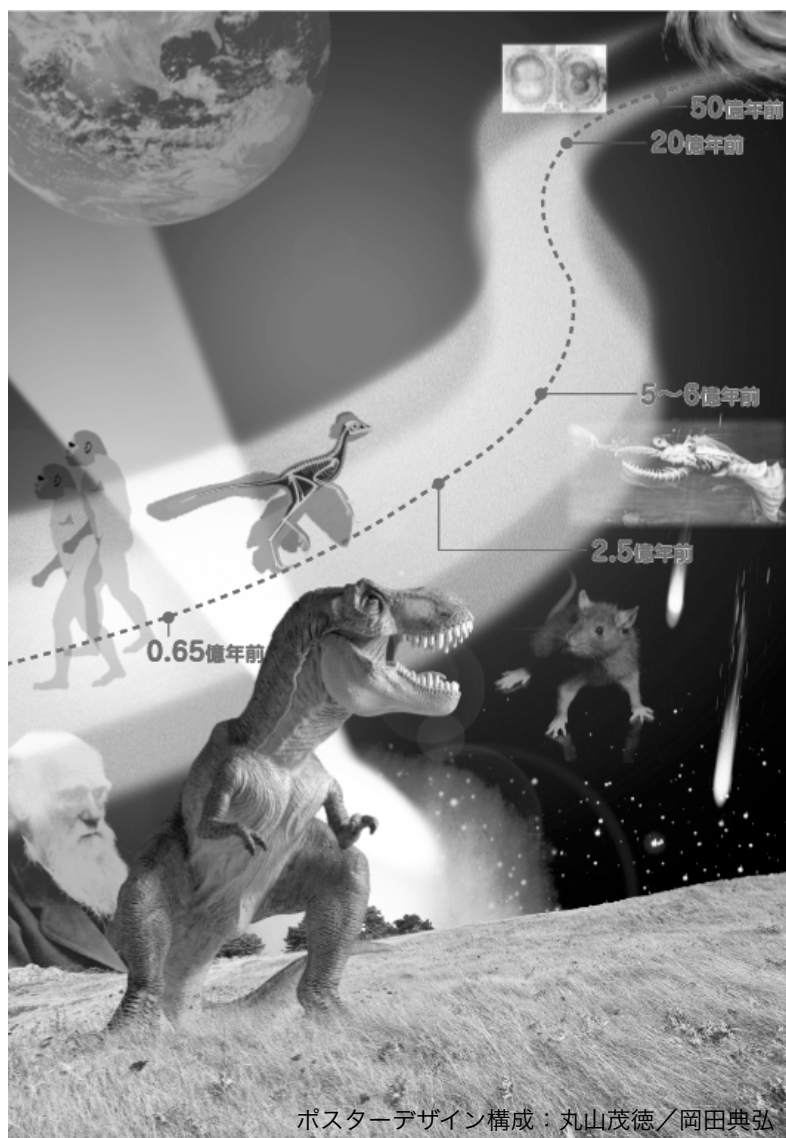
第12回 日本進化学会大会 プログラム&要旨集



会期：2010年8月2日(月)～8月5日(木)

会場：東京工業大学 大岡山キャンパス

第12回 日本進化学会大会 プログラム&要旨集



ポスターデザイン構成：丸山茂徳／岡田典弘

東京工業大学 大岡山キャンパス

〒152-8550 東京都目黒区大岡山2-12-1

第12回日本進化学会大会実行委員会

〒226-8501 神奈川県横浜市長津田町4259 B-21

sesj2010@bio.titech.ac.jp

目次

大会案内

大会日程.....	2
会場案内図.....	4
お知らせ.....	5
For English -speaking participants.....	8

プログラム

公開講演会、シンポジウム.....	13
国際ワークショップ.....	15
ワークショップ.....	17
夏の学校.....	25
一般口頭発表.....	27
一般ポスター発表.....	32
高校生ポスター発表.....	40

要旨

公開講演会、シンポジウム.....	41
国際ワークショップ.....	50
ワークショップ.....	58
夏の学校.....	89
一般口頭発表.....	92
一般ポスター発表.....	113
高校生ポスター発表.....	152
参加者名簿.....	156

大会案内

大会日程

会場：東京工業大学 大岡山キャンパス

評議員会 8月3日（火） 10:00-12:00 蔵前会館(S会場) 会議室L, S

公開講演会 8月2日（月） 12:20-16:00 蔵前会館(S会場) くらまえホール
『新しい生命観；宇宙から日本国家誕生まで』

総会・受賞講演 8月4日（水） 16:15-18:15 蔵前会館(S会場) くらまえホール
総会
学会賞（日本進化学会賞・研究奨励賞・教育啓蒙賞）授賞式
木村賞授賞式
日本進化学会賞・受賞講演

シンポジウム 8月3日（火）～8月5日（木） 蔵前会館(S会場) くらまえホール

国際ワークショップ 8月4日（水）～8月5日（木） デジタル多目的ホール (D会場)

ワークショップ 8月3日（火）～8月5日（木） 西5、西6号館 (W1、W2会場)

夏の学校 8月2日（月） 13:00-20:00 デジタル多目的ホール (D会場)

一般口頭発表 8月3日（火）～8月5日（木） 西5号館 (O会場)

一般ポスター発表 8月2日（月）～8月5日（木） 百年記念館 (P会場)

高校生ポスター発表 8月3日（火） 百年記念館 (P会場)

懇親会 8月4日（水） 18:30-20:30 新食堂 (2F: 会場案内図参照)

アクセス

東京工業大学 大岡山キャンパス：東京急行大岡山駅から徒歩1分

大岡山駅までのアクセス

東京駅・上野駅・品川駅から

1. .～ JR大井町駅(京浜東北線) ◇ 東急大井町駅(大井町線) ～大岡山駅。東京から約30分、上野から約35分、品川から約20分
2. ～ JR目黒駅(山手線) ◇ 東急目黒駅(目黒線) ～大岡山駅。東京から約35分、上野から約40分、品川から約25分

新横浜駅から

1. ～JR菊名駅(横浜線) ◇ 東急菊名駅(東横線)～田園調布駅 ◇ 田園調布駅 (目黒線) ～大岡山駅 (約30分)

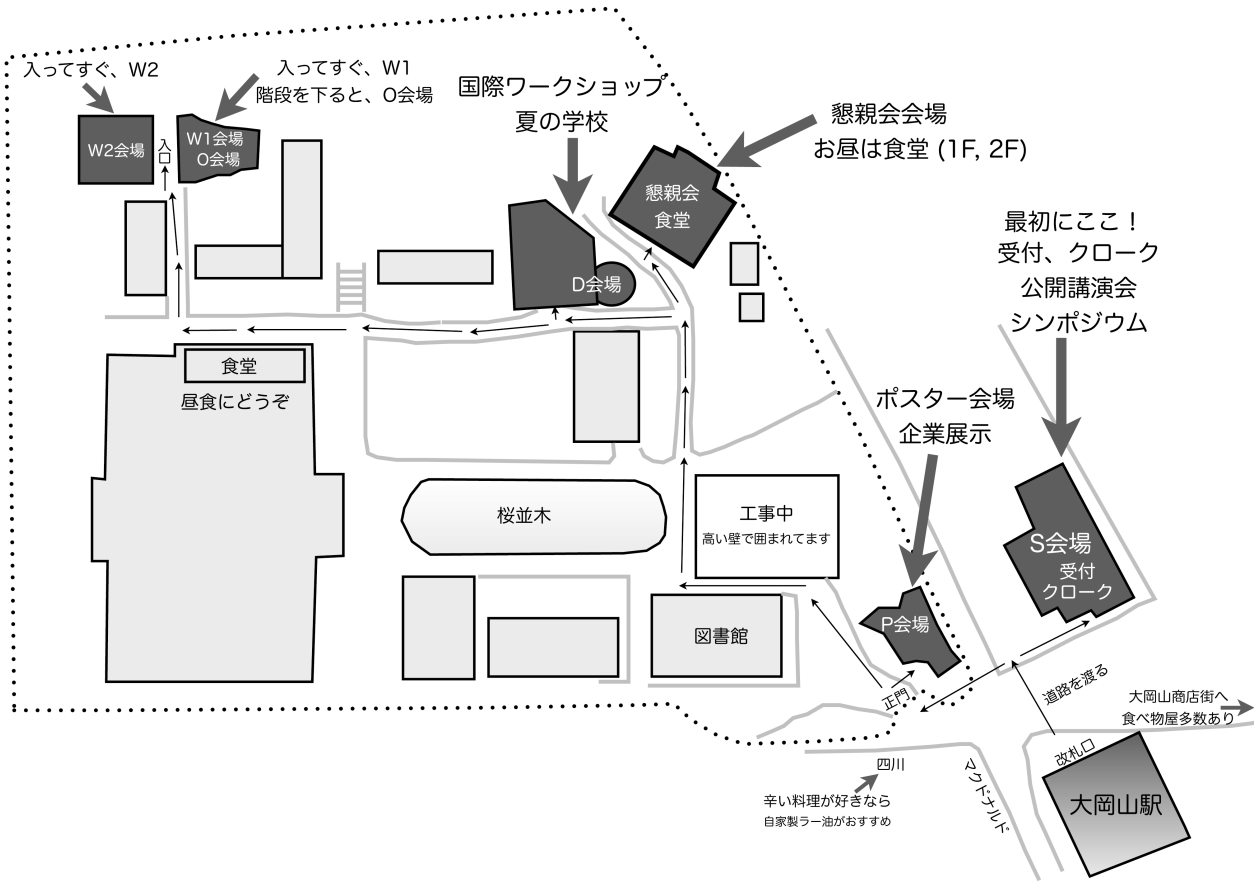
羽田国際空港から

1. ～ 京急品川駅 ◇ JR品川駅(山手線) ～ 目黒駅 ◇ 東急目黒駅(目黒線) ～ 大岡山駅 (約45分)
2. ～ 京急品川駅 ◇ JR品川駅(京浜東北線) ～ 大井町駅 ◇ 東急大井町駅(大井町線) ～ 大岡山駅 (約45分)
3. ～ モノレール浜松町駅 ◇ JR浜松町駅(山手線) ～ 目黒駅 ◇ 東急目黒駅(目黒線) ～ 大岡山駅 (約60分)
4. ～ モノレール浜松町駅 ◇ JR浜松町駅(京浜東北線) ～ 大井町駅 ◇ 東急大井町駅(大井町線) ～ 大岡山駅 (約50分)
5. ～ バス(大井町行) ◇ 東急大井町駅(大井町線) ～ 大岡山駅 (約45分)
6. ～ バス(蒲田行) ◇ 東急蒲田駅(多摩川線) ～ 多摩川駅 ◇ 多摩川駅(目黒線) ～ 大岡山駅 (約65分)

成田国際空港から

1. JR成田空港駅(成田線) ～ 品川駅 ◇ 品川駅(山手線) ～ 目黒駅 ◇ 東急目黒駅(目黒線) ～ 大岡山駅 (約1時間30分)
2. ～ リムジンバス(東京シティエアーターミナル) ◇ 東京メトロ水天宮前駅(半蔵門線) ～ 二子玉川駅 ◇ 二子玉川駅(大井町線) ～ 大岡山駅 (約1時間55分)
3. 京成成田空港駅(本線) ～ 日暮里駅 ◇ JR日暮里駅(京浜東北線) ～ 大井町駅 ◇ 東急大井町駅(大井町線) ～ 大岡山駅 (約1時間55分)

会場地図



S会場

受付、クローク、公開講演会、シンポジウム

P会場

一般、高校生ポスター発表、企業展示

D会場

夏の学校、国際ワークショップ

W会場

ワークショップ

O会場

一般口頭発表

昼食

昼食は東工大内の食堂で召し上がれます。大岡山駅の改札を出て右に行くと大岡山商店街があり、食べ物屋さんが多くあります。東工大の正門周辺にもファーストフード、コンビニ、中華などの店がありますのでご利用ください。

お知らせ

一般注意事項

- ◎ 大岡山キャンパスの構内では、指定喫煙場所以外の全ての場所で禁煙です。
- ◎ 大岡山キャンパスの駐車場は限られています。車での御来場はお控えください。
- ◎ 発表中の写真撮影・録画・録音、ポスターの撮影等をご遠慮ください。
- ◎ D会場、S会場は原則飲食禁止ですので飲食をご遠慮ください。
- ◎ 発表内容は多くの未発表データを含んでいますので、学会外への公表をご遠慮ください。

受付

- ◎ 8月2日（月）11:30 から受付を開始します。
- ◎ 受付はS会場入り口で行います。
- ◎ 受付で名札を配りますので会場では必ず名札を付けてください。

クローク

- ◎ クロークはS会場入り口にあります。

受付、クロークのご利用時間

- ◎ 受付、クロークのご利用時間は以下ようになります。

8月2日（月） 11:30-16:45

8月3日（火） 8:30-19:45

8月4日（水） 8:30-20:45

8月5日（木） 8:30-16:45

懇親会

- ◎ 懇親会は 8月4日（水）18時30分から、食堂2階にて行います(会場案内図参照)。
- ◎ 懇親会の定員に達していない場合のみ当日参加可能となります。
- ◎ 懇親会の際は必ず名札をつけてください。

要旨集

- ◎ 大会に参加できない方で講演要旨集をご希望の方は、大会実行委員会にお申し込み下さい。一冊1500円（送料込）で承ります。尚、参加登録なしの参加者（公開講演会、夏の学校、高校生ポスター）には受付にて要旨集の販売を行います(一冊1000円)。

講演者へのお知らせ

公開講演会、シンポジウムの講演者

- ◎ 個人のノートPCを接続することも可能ですが、大会の用意するノートPCも使用することができます。大会の用意するコンピューターを利用される場合、あらかじめ大会本部にご連絡をお願いします。

国際ワークショップ、ワークショップ、夏の学校の講演者

- ◎ 国際ワークショップ、ワークショップの進行は企画者の方々に委ねております。また会場にはノートPCの接続、マイク、照明の係がおりますので、適宜係にお申し付けください。大会が用意できるノートPCの数に限りがありますのでノートPCは企画者の方々でご用意くださいますようお願いいたします。

一般口頭発表の講演者

- ◎ 一般口頭発表は大会本部が用意したPCを使用し、プロジェクターで投影しておこないます。OHP、スライド映写機、持参したPCは使用できません。
- ◎ 持ち時間は発表12分、質疑応答3分です。一鈴10分、二鈴12分、三鈴14分30秒です。時間は厳守して下さい。
- ◎ ファイルの立ち上げまでは係が行いますが、以後のパソコンの操作は各自でお願いします。またセッションを円滑に進めるため、質疑応答中に次の発表者のスライド投影を準備しますのでご協力をお願いします。
- ◎ 座長は大会本部から数名の方に依頼しております。
- ◎ 使用するOSはWindows XPとMac OS Xです。使用可能なアプリケーションは、PowerPoint 2007 (Win)、PowerPoint 2008 (Mac)、Keynote (Mac)、Adobe Reader 9 (PDF) です。
- ◎ 発表ファイルには「OP0-00-○○○○.pptx」、「OP0-00-○○○○.ppt」のように**講演番号と発表者の名前**を付けてください。拡張子は使用するアプリケーションに合ったものを付けて下さい。
- ◎ 発表日の**前日までに**、必ず発表ファイルを口頭発表用PCへコピーしてください。口頭発表用のPCは、8月3日（火）8:30-16:00、8月4日（水）8:30-16:00は口頭発表会場（O会場）に設置してあります。それ以外の時間帯は大会受付にて承ります。発表ファイルの確認と微修正は短時間でおこなってください。

一般ポスター発表

◎ ポスターは横110 cm×縦175 cmに入る大きさをお願いします。貼り付け用のピンはポスター会場（P会場）で配布いたします。

◎ 大会期間中、ポスター発表は2部に分けておこないます。

第1部（P1）：8月2日（月）12：00～3日（火）19：30

8月3日（火）にはポスター発表（奇数番号16:30-17:30、偶数番号18:00-19:00）をおこないますので、ポスターの前に立って内容の説明をお願いします。その後19:45までにポスターを撤去してください。

第2部（P2）：8月4日（水）8:30～5日（木）16:00

8月5日（木）にはポスター発表（奇数番号13:00-14:00、偶数番号14:30-15:30）をおこないますので、ポスターの前に立って内容の説明をお願いします。その後16:15までにポスターを撤去してください。

高校生ポスター発表

◎ ポスターの掲示は8月2日 12:00より可能です。8月3日 15:30までに掲示をお願いします。8月3日 15:30から発表時間となります。発表者はポスターの前にたち17:00まで発表をお願いします。この発表時間にポスター審査があり、ポスター賞の表彰が17:00から行われます。発表者全員にそれぞれポスター賞がありますのでご期待ください。

◎ ポスターのサイズは横110 cm×縦175 cmに入る大きさをお願いします。形式は自由です。

For English-speaking Participants

AUGUST 2-5, SESJ MEETING, TOKYO INSTITUTE of TECHNOLOGY

The 12th Society of Evolutionary Study, Japan meeting will be held at Tokyo Institute of Technology, Ookayama campus.

ACCESS

The **Ookayama campus** is a one-minute walk from Ookayama Station.

From Downtown Tokyo

1. Take Keihin-Tohoku Line (Japan Railways) to Ooimachi Station. Transfer to Ooimachi Line (Tokyu Transportation Systems) there and get off at Ookayama Station. The train ride from Ooimachi Station to Ookayama Station is about 10 minutes.
2. Take Yamanote Line (Japan Railways) to Meguro Station. Transfer to Meguro Line (Tokyu Transportation Systems) there and get off at Ookayama Station. The ride from Meguro Station to Ookayama Station takes about 10 minutes.
3. Take Mita Line (Toei Subway) to Meguro Station and continue the ride to Ookayama Station.
4. Take Namboku Line (Tokyo Metropolitan Subway) to Meguro and continue the ride to Ookayama.

From Haneda Airport

1. by TOKYO MONORAIL.
 - a. The monorail trains run between Haneda Airport and Hamamatsucho Station. From Hamamatsucho, take JR Keihin-Tohoku Line to Ooimachi. Transfer to Tokyu Ooimachi Line.
 - b. Take JR Yamanote Line from Hamamatsucho to Meguro Station. Transfer to Tokyu Meguro Line there and ride to Ookayama Station.
2. by KEIKYU LINE.
 - a. Take Keikyu Line from Haneda Airport to Shinagawa Station. From Shinagawa, take JR Keihin-Tohoku Line to Ooimachi there and transfer to Tokyu Ooimachi Line.
 - b. Take JR Yamanote Line from Shinagawa to Meguro Station. Transfer to Tokyu Meguro Line there and ride to Ookayama Station.

From Narita Airport

1. by KEISEI Line.

Take a Narita skyliner to Nippori Station and transfer to JR Keihin-Tohoku Line. Take a train bound for south from Nippori to Ooimachi. At Ooimachi, transfer to Tokyu Ooimachi Line and get off at Ookayama.

2. by JR.

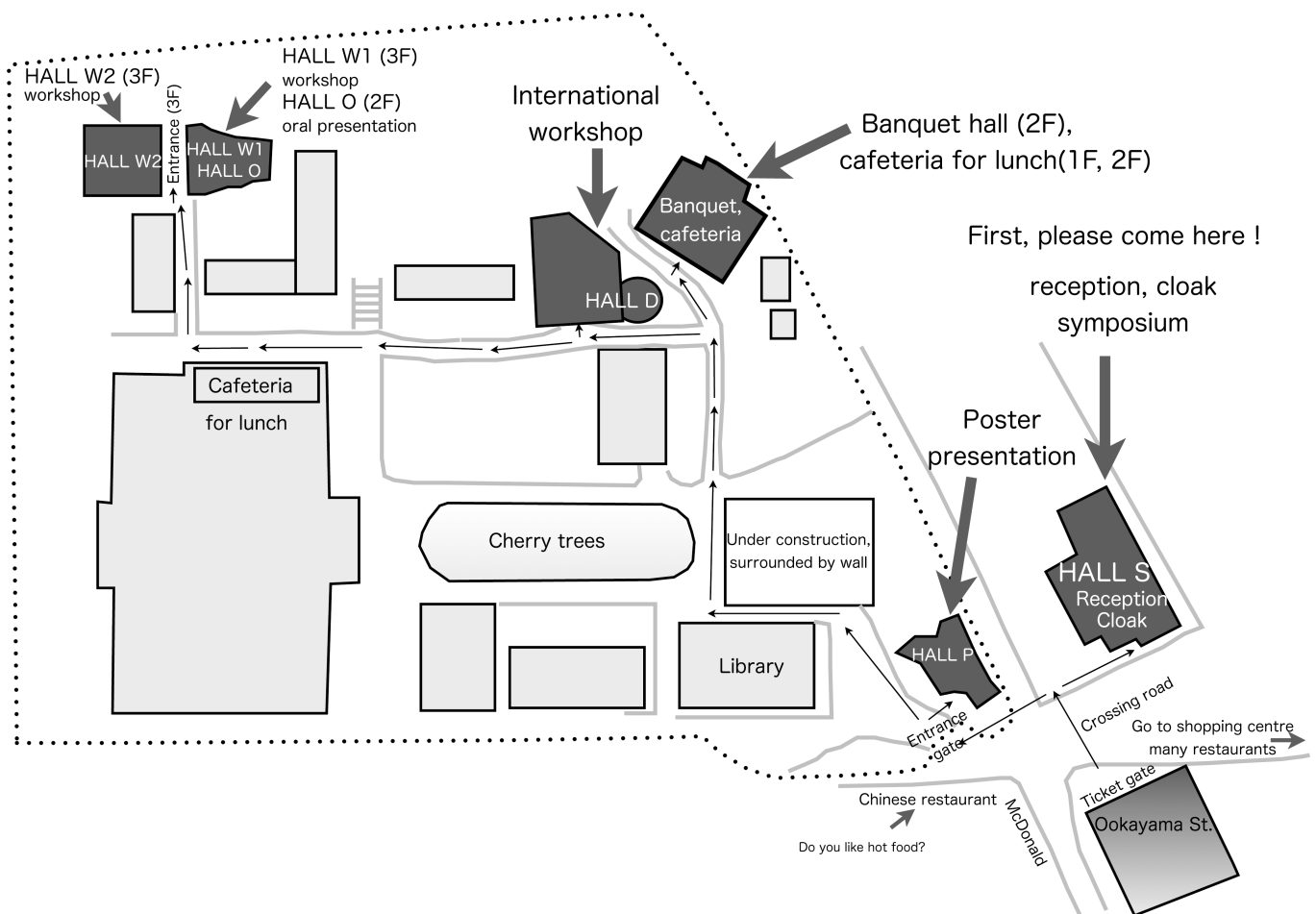
a. Take a Narita express to Shinagawa Station. Change to a Keihin-Tohoku train bound for south and get off at Ooimachi Station (next to Shinagawa). Transfer to Tokyu Ooimachi Line.

b. Take a Narita express to Shinagawa Station. Change to Yamanote Line bound for Shibuya and Shinjuku. Get off at Meguro Station and transfer to Tokyu Meguro Line to Ookayama.

3. by BUS.

A limousine bus runs from the airport to Tokyo City Air Terminal (T-cat). At T-cat, go downstairs to the subway station - Suitengumae Station (Hanzomon Line) - and take a train bound for Nagatsuta or Chuo-rinkan. At Futakotamagawa Station, change to a train bound for Ooimachi. Get off at Ookayama.

OOKAYAMA CAMPUS MAP



SURVIVAL GUIDE

When you arrive at Ookayama station, first you should go to **RECEPTION** (see map). If you have a presentation, please let us know at reception. We will give you the information for your presentation. If you are planning to attend (but not payed) the **BANQUET** (August 4th, 18:30-20:30), please buy a banquet ticket at reception. You can attend all programs. The English programs are as follows.

ENGLISH PROGRAMS

Symposium

August 3rd, 16:30-17:30, Hall S

The Cambrian Explosion and the Tree of Vertebrates

Degan Shu

August 4th, 15:00-16:00, Hall S

Recent Advances in Research on Avian Organs

Xing Xu

International Workshop

August 4th, 9:00-12:00, Hall D

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

Part 1

- [IWS1-1] Changes in gene regulations for evolutionary novelties in vertebrates.** Shigeru Kuratani (RIKEN, CDB, Kobe)
- [IWS1-2] The origin and evolution of the cranial sensory organs and pituitary: evidence from basal chordates.** Takehiro G. Kusakabe (Department of Biology, Konan University)
- [IWS1-3] Evolution of the BI-valve bodyplan.** ○Hiroshi Wada, Koryu Kin, Yoshihisa Kurita, Naoki Hashimoto (Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba)
- [IWS1-4] Different mechanisms of dorsoventral axis formation between the fly *Drosophila* and the spider *Achaearanea*.** ○Yasuko Akiyama-Oda, Hiroki Oda (JT Biohistory Research Hall)
- [IWS1-5] Co-option of a conserved gene regulatory module during the evolution of flat outgrowths in arthropods.** Yasuhiro Shiga (School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)
- [IWS1-6] The early embryogenesis of *Polypterus* (bichirs): Insights into the origin and evolution of vertebrate body plans.** Masaki Takeuchi (RIKEN CDB)

August 4th, 13:00-16:00, Hall D

Evolving shapes and development - viewed from changes in gene regulations:
Part 2

- [IWS2-1] Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers** ○Shinichi Aota, Fumiaki Sugahara, Shigeru Kuratani (RIKEN CDB)
- [IWS2-2] Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between canopy1 and engrailed2.** ○Hisaya Kakinuma¹, Yoshikazu Hirate², Sara Trowbridge³, Motoko Aoki¹, Tohru Yano⁴, Hideaki Aono⁵, Koji Tamura⁴, Hitoshi Okamoto¹ (1RIKEN BSI, 2RIKEN CDB, 3Department of Molecular and Cellular Biology · Harvard University, 4Graduate School of Life Sciences · Tohoku University, 5Miyako Station · National Center for Stock Enhancement)
- [IWS2-3] Evolution of vertebrate paired appendages.** Mikiko Tanaka (Tokyo Institute of Technology)
- [IWS2-4] Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation.** Koshihisa-Takeuchi Kazuko (IMCB, Univ Tokyo)
- [IWS2-5] Special Lecture: Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs.** Cheng-Ming Chuong (Department of Pathology, Univ. Southern California)

August 5th, 9:00-12:00, Hall D

Perspectives of Evolutionary Studies of Organisms from the viewpoint of
Genomic Structure and Function

Introduction

Takashi Gojobori

- [IWS3-1] Resequencing of entire major histocompatibility complex regions to identify haplotype structure.** ○Kazuyoshi Hosomichi, Takashi Shiina, Shingo Suzuki, Ituro Inoue, Hidetoshi Inoko (Dept. Mol. Life Sci., Tokai Univ. Sch. of Med.)
- [IWS3-2] THE EVOLUTIONARY ORIGIN OF ISOCHORES: SOME NEW FACTS, SOME NEW IDEAS.** Giorgio Bernardi (Laboratory of Molecular Evolution, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Naples, Italy)
- [IWS3-3] New regulatory mechanism found through transcriptome analysis.** Yoshihide Hayashizaki (RIKEN)
- [IWS3-4] Transcriptome analysis and Informatics for the data of next gen sequencers.** Kazuho Ikeo (National Institute of Genetics)
- [IWS3-5] Diversity and Evolution of Human Alternative Splicing.** Tadashi Imanishi
- [IWS3-6] The sleeping chironomid: a model organism for understanding the origin of anhydrobiosis in insects and the effect of extreme desiccation on mitochondrial and nuclear genomes.** ○Oleg Gusev, Richard Cornette, Takahiro Kikawada and Takashi Okuda (National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS))

Oral presentation Sessions

August 4th, 9:00-12:00, Hall O

11:00~ 【OP3-9】 **Evolutionary History of Wild and Cultivated Asian Rice Deciphered by Gene Tree Discordance Analysis.** ○Ching-chia Yang^{1,2}, Hiroaki Sakai², Takeshi Itoh² (1Grad School Frontier Sci, Univ Tokyo, 2Natl Inst Agrobiol Sci)

August 4th, 13:00-16:00, Hall O

15:45~ 【OP4-12】 **Genome Composition Database.** ○Kirill Kryukov^{1,2}, Kenta Sumiyama¹, Kazuho Ikeo², Takashi Gojobori² and Naruya Saitou¹ (1Division of Population Genetics, National Institute of Genetics; 2Human Genome Project, National Institute of Genetics)

Poster Sessions

You can find many English posters at poster sessions. The poster sessions are divided into the first part (August 2nd-3rd) and the second part (August 4th-5th).

プログラム

公開講演会、シンポジウム (S会場)

企画者：丸山茂徳、岡田典弘 (東京工業大学)

公開講演会: OL 8月2日 (月) 12:20 ~ 16:00

新しい生命観；宇宙から日本国家誕生まで

公開講演会は一般の方でも聴講できます (入場無料)。

【OL-1】シーラカンスが日本に来るまで 岡田典弘 (東工大・院生命理工)

【OL-2】日本人漢民族説と日本国家の誕生 丸山茂徳 (東京工業大学)

【OL-3】恐竜における性的淘汰圧を考える 平山廉 (早稲田大・国教)

【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 (理化学研究所・基幹研究所)

シンポジウム: S1 8月3日 (火) 9:00 ~ 12:00

先カンブリア時代の地球と生命進化 -1-

【S1-1】新しい生命進化論；概観 丸山茂徳、岡田典弘 (東京工業大学)

【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・院理)

シンポジウム: S2 8月3日 (火) 13:00 ~ 16:00

先カンブリア時代の地球と生命進化 -2-

【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・総合文化)

【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・院生命理工)

シンポジウム: S3 8月3日 (火) 16:30 ~ 19:30

カンブリア紀およびそれ以降の地球と生命進化

【S3-1】Top ten hypotheses of Evolutionism and a new Hypothesis on Nature of Cambrian Explosion. Degan Shu (西北大学・教授)

【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、マリンゲノミクス・ユニット)

【S3-3】Phylogenomic Reconstruction of the Tree of Life. ○長谷川政美¹、米澤隆弘¹ (1復旦大・生命)

シンポジウム: S4 8月4日 (水) 9:00 ~ 12:00

動物と植物の誕生

- 【S4-1】植物の系統と発生進化 長谷部光泰 (基礎生物学研究所、JST、総研大)
- 【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 (国立遺伝学研究所)
- 【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 (東京工業大学)

シンポジウム: S5 8月4日 (水) 13:00 ~ 16:00

生命進化と大量絶滅の役割

- 【S5-1】大量絶滅研究: 新たな挑戦 磯崎行雄 (東大・院総合)
- 【S5-2】危機から生まれた哺乳類 岡田典弘 (東工大、生命理工)
- 【S5-3】RECENT ADVANCES IN RESEARCH ON AVIAN ORIGINS. Xing Xu (Institute of Vertebrate Paleontology & Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences)

シンポジウム: S6 8月5日 (木) 9:00 ~ 12:00

有羊膜類から人類誕生まで

- 【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・院システム自然科学)
- 【S6-2】大陸移動と哺乳類の進化 ○西原秀典1、丸山茂徳2、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工、2東工大・院理工)
- 【S6-3】人類の進化と文明史 馬場悠男 (科博・名誉研究員)
- 【S6-4】系外惑星学の新展開: スーパー地球 生駒大洋 (東工大・院理)

シンポジウム: S7 8月5日 (木) 13:00 ~ 16:00

宇宙から地球を探す

- 【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1, 上野雄一郎1, 生駒大洋1 (1東工大・院理工)
- 【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・院理)
- 【S7-3】総合討論 丸山茂徳 (東京工業大学)

国際ワークショップ (D会場)

国際ワークショップ: IWS1 8月4日 (水) 9:00 ~ 12:00

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 (東工大生命理工)

企画要旨：Morphological evolution can be regarded as modifications of developmental programs. Recent studies revealed that such alterations can be caused by temporal, spatial modifications or co-options of gene regulatory networks. In this workshop, we will discuss on the importance of subtle changes in regulatory networks in the evolution of new patterns, and underscore the future of Evo-Devo research.

- 【IWS1-1】 **Changes in gene regulations for evolutionary novelties in vertebrates.** Shigeru Kuratani (RIKEN, CDB, Kobe)
- 【IWS1-2】 **The origin and evolution of the cranial sensory organs and pituitary: evidence from basal chordates.** Takehiro G. Kusakabe (Department of Biology, Konan University)
- 【IWS1-3】 **Evolution of the BI-valve bodyplan.** ○Hiroshi Wada, Koryu Kin, Yoshihisa Kurita, Naoki Hashimoto (Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba)
- 【IWS1-4】 **Different mechanisms of dorsoventral axis formation between the fly *Drosophila* and the spider *Achaearanea*.** ○Yasuko Akiyama-Oda, Hiroki Oda (JT Biohistory Research Hall)
- 【IWS1-5】 **Co-option of a conserved gene regulatory module during the evolution of flat outgrowths in arthropods.** Yasuhiro Shiga (School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)
- 【IWS1-6】 The early embryogenesis of Polypterus (bichirs): Insights into the origin and evolution of vertebrate body plans. Masaki Takeuchi (RIKEN CDB)

国際ワークショップ: IWS2 8月4日 (水) 13:00 ~ 16:00

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 (東工大生命理工)

- 【IWS2-1】 **Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers** ○Shinichi Aota, Fumiaki Sugahara, Shigeru Kuratani (RIKEN CDB)
- 【IWS2-2】 **Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between *canopy1* and *engrailed2*.** ○Hisaya Kakinuma¹, Yoshikazu Hirate², Sara Trowbridge³, Motoko Aoki¹, Tohru Yano⁴, Hideaki Aono⁵, Koji Tamura⁴, Hitoshi Okamoto¹ (1RIKEN BSI, 2RIKEN CDB, 3Department of Molecular and Cellular

Biology · Harvard University, 4Graduate School of Life Sciences · Tohoku University,
5Miyako Station · National Center for Stock Enhancement)

- 【IWS2-3】 **Evolution of vertebrate paired appendages.** Mikiko Tanaka (Tokyo Institute of Technology)
- 【IWS2-4】 **Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation.** Koshiha-Takeuchi Kazuko (IMCB, Univ Tokyo)
- 【IWS2-5】 **Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs.** Cheng-Ming Chuong (Department of Pathology, Univ. Southern California)

国際ワークショップ: IWS3 8月5日 (木) 9:00 ~ 12:00

Perspectives of Evolutionary Studies of Organisms from the viewpoint of Genomic Structure and Function

企画者： 五條堀 孝 (国立遺伝学研究所)

企画要旨：次世代シーケンサーや第3世代シーケンサーの登場により、ゲノム解読を始めとする様々な塩基配列解析が革命的に進展してきている。このような技術開発の進展に伴って、パーソナルゲノムと言われるようなヒト集団内のゲノム多様性研究から、メタゲノム解析に代表されるような多数種の微生物の全ゲノム解析にいたるまで、ゲノム情報を用いた比較解析は大きな展開を見せている。ヒトゲノムの完全解読が終了した2000年初頭でゲノム研究は終焉を迎えたという誤解が、我が国では一時広く伝わったことがあるが、いまではゲノム解析の第2波が津波として再登場したとでも言うべき状況にある。特に、ゲノムの構造と機能から生物進化の過程や機構を見直すことが可能になってきており、そのような視点で進化研究の今後についての議論を行う。

- 【IWS3-1】 **Resequencing of entire major histocompatibility complex regions to identify haplotype structure.** ○Kazuyoshi Hosomichi, Takashi Shiina, Shingo Suzuki, Ituro Inoue, Hidetoshi Inoko (Dept. Mol. Life Sci., Tokai Univ. Sch. of Med.)
- 【IWS3-2】 **THE EVOLUTIONARY ORIGIN OF ISOCHORES: SOME NEW FACTS, SOME NEW IDEAS.** Giorgio Bernardi (Laboratory of Molecular Evolution, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Naples, Italy)
- 【IWS3-3】 **New regulatory mechanism found through transcriptome analysis.** 林崎 良英 (独立行政法人 理化学研究所 オミックス基盤研究領域)
- 【IWS3-4】 **Transcriptome analysis and Informatics for the data of next gen sequencers.** Kazuho Ikeo (National Institute of Genetics)
- 【IWS3-5】 **Diversity and Evolution of Human Alternative Splicing.** Tadashi Imanishi
- 【IWS3-6】 **The sleeping chironomid: a model organism for understanding the origin of anhydrobiosis in insects and the effect of extreme desiccation on mitochondrial and nuclear genomes.** ○Oleg Gusev, Richard Cornette, Takahiro Kikawada and Takashi Okuda (農業生物資源研究所 (National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)))

ワークショップ (W1, W2会場)

ワークショップ: WS1 (W1会場) 8月3日 (火) 9:00 ~ 12:00

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 (東北大学大学院生命科学研究科)、箱山 洋 (中央水産研究所/東京海洋大学)

企画要旨: 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、前者は雄と雌の2種類の細胞の接合により新たな遺伝子の組み合わせを持つ子孫を作るのに対し、後者は遺伝的組み換えなしにクローンの子孫を作る。多くの生物は有性生殖を行っているが、中には同じ種の中に有性生殖を行うものと無性生殖を行うものが混在している場合や、同じ個体が状況によって2つの生殖様式を切り替えている場合もある。1個体を作るのに2個体必要な有性生殖に比べ、無性生殖は2倍の増殖力がある。しかし無性生殖では、遺伝情報の交換がないため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も言われている。本集会では、まず理論の見地から有性生殖と無性生殖の利点、欠点について整理し、2つの生殖様式が混在しているいくつかの系について、その存在・存続に関して、進化的な側面から考察してみたい。

【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/東京海洋大)

【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・総合工、2首都大・理・生命、3信州大・理・生物)

【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・院・生命科学)

ワークショップ: WS2 (W2会場) 8月3日 (火) 9:00 ~ 12:00

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)

企画要旨: 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、生物進化における長期的適応度の重要性を議論する。

【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・多田紘一郎 (北大院・農・生物生態体系)

【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・農)

- 【WS2-3】 **生物における共生進化のダイナミクス** ○吉村仁1、成相有紀子2（1静大・創造院、2静大・院工）
- 【WS2-4】 **共生系個体群動態の基本モデル** ○泰中 啓一、小林 和幸、比嘉 慎一郎（静岡大）

ワークショップ: WS3 (W1会場) 8月3日 (火) 13:00 ~ 16:00

生態適応と形質分化

企画者：小沼 順二（京都大学大学院理学研究科）、山本 哲史（京都大学大学院理学研究科）

企画要旨：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。そのような生態形質の分化機構の解明は、進化生態学における従来からの中心テーマであるが、2000年以降 Adaptive Dynamics理論の台頭により、この分野における理論的研究が大きく発展した。実証研究においても、分子系統学、量的遺伝学、発生学的手法が発展し、これらのアプローチによって自然選択の証拠や、形質進化の背景にある遺伝学的、発生学的メカニズムの解明が著しく進展してきた。本ワークショップでは、これらの適応分化機構に関わる研究を紹介し、生物多様性の創発に生態適応がいかに機能しているかについて議論したい。

- 【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3（1北大・院環境、2LIPI、3北大・院理）
- 【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・環境リスク、2IIASA・EEP）
- 【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・人間発達環境、2東北大・生命科学、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・院理、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・農）
- 【WS3-6】 **適応進化した東アフリカ湖産シクリッドの形態** ◎藤村衡至1,2、岡田典弘2、Thomas D. Kocher1（1アメリカ・メリーランド大、2東工大・院生命理工）

ワークショップ: WS4 (W2会場) 8月3日 (火) 13:00 ~ 16:00

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（国立遺伝学研究所）、小倉 淳（お茶の水女子大学）

企画要旨：次世代シーケンサやマイクロアレイの発達により、さまざまな生物の全ゲノム塩基配列やこれまで考えられなかった環境中・多種生物叢におけるメタゲノムといった、大規模データが簡単に手に入るようになり、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。この大規模データ時代において、仮説ドリブンの研究からデータドリブンの研究が多くなっているが、ここで今一度、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に焦点をおいた研究会を開催する。本研究会では、メタゲノムのみならず、環境中や生物種間での動的な遺伝子発現からなるメタトランスクリプトームの視点から生物多様化メカニズムの解明にどのようなアプローチがとりうるか議論する。

- 【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（国立遺伝学研究所）
- 【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・生物プロセス）
- 【WS4-4】 **海産浮遊性プランクトンの次世代シーケンス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³（1水研セ瀬水研、2日本総合科学、3水研セ西水研）
- 【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・理・情報）
- 【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・難研）
- 【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・基盤）
- 【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・アカデミックプロダクション）
- 【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²、豊田 敦³、藤山秋佐夫^{3,4}、阿形清和²（1京大・霊長研、2京大・院理、3遺伝研、4情報研）

ワークショップ: WS5 (W1会場) 8月3日 (火) 16:30 ~ 19:30

統計的方法論の最前線

企画者：下平 英寿（東京工業大学 情報理工学研究所）

企画要旨：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。このワークショップではゲノム・分子配列の統計分析において、進化学の問題意識が新しい統計的方法論を生み出す現場を紹介する。そして相互交流のきっかけになるような議論をしたい。

- 【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、Bojian Zhong, 米澤隆弘、Yang Zhong（復旦大・生命）
- 【WS5-2】 **分子進化のベイズ推定** ○岸野洋久（東京大学農学生命科学研究科）
- 【WS5-3】 **配列進化の統計的モデル** 徐泰健（東京大学）
- 【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（統数研 / 1統数研、2国立国際医療研究センター、3名市大・医）
- 【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・情報理工）

ワークショップ: WS6 (W2会場) 8月3日 (火) 16:30 ~ 19:30

ゲノムから見る微生物進化

企画者：本郷 裕一（東京工業大学生命理工学研究所）、中鉢 淳（理化学研究所基幹研究所）

企画要旨：DNA配列決定コストの低減により、現在までに1,000系統以上の真正細菌・古細菌のゲノム完全長配列データが蓄積している。また、地球上の大多数の微生物種は難培養性で、ゲノム解析は困難であったが、少数の細胞からゲノム配列を取得する技術開発が進行しており、今後、さら

に多様な微生物種のゲノム情報が入手可能となるであろう。本ワークショップでは、ゲノムから見る難培養細菌種の機能と進化、原核生物と真核生物の共生機構の進化、原核生物の翻訳機構・ゲノム複製機構の進化など、ゲノム情報を活用した微生物進化に関わる先端的研究を紹介し、今後の展望などを議論する。

- 【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・先端生命研)
- 【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・生命情報DDBJ、2東医歯大・難治研、3東大・名誉教授)
- 【WS6-3】 **宿主昆虫と必須共生細菌のゲノム進化** ○中鉢淳 (理研・基幹研)
- 【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・教養、2産総研・ゲノムファクトリー、3東大院・新領域)
- 【WS6-5】 **ゲノムから見るシロアリ腸内原生物細胞内共生細菌の機能と進化** 本郷裕一 (東工大院・生命理工)
- 【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・先端生命)

ワークショップ: WS7 (W1会場) 8月4日 (水) 9:00 ~ 12:00

全ゲノム配列時代の進化研究

企画者：三沢 計治 (理化学研究所 次世代計算科学研究開発プログラム)

企画要旨：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る。最近では、次世代シーケンサの開発やコンピュータの高速化などの技術革新もあり、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となった。しかし、比較ゲノム研究を進めるためには、大量データの取り扱いや、データ解析法の開発など、様々な問題を解決して行く必要がある。このワークショップでは、全ゲノム規模の比較ゲノム研究の最新の進化研究を紹介する。同時に、全ゲノム規模の比較ゲノムの研究に関する様々な問題について取り上げることで、今後の進化学と比較ゲノム研究の進む方向を議論したい。

- 【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 (独立行政法人 理化学研究所 次世代計算科学研究開発プログラム)
- 【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4、藤山秋佐夫4.5 (1理研・基幹研・システム計算生物学G、2東北大・医・がんコアセンター・細胞制御、3遺伝研・生物遺伝資源情報、4遺伝研・比較ゲノム解析、5情報研・情報学)
- 【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1 (1遺伝研・進化遺伝)
- 【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・生命理工)

ワークショップ: WS8 (W2会場) 8月4日 (水) 9:00 ~ 12:00

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（理化学研究所 植物科学研究センター）、牧野 能士（東北大学大学院 生命科学研究所）

企画要旨：真核生物のゲノム上では頻りに遺伝子重複が起きているが、重複遺伝子が生物進化にどのように貢献しているかは未知の部分が多い。遺伝子重複後に起こる機能分化は明らかに生物進化にかかわる現象であるため、その進化メカニズムを理解することは重要である。一方で、重複遺伝子の冗長性による相同な遺伝子のバックアップ機能も報告されており、理論研究を含めた詳細な検討が必要となってきた。また、生物をシステムとして捉えた時、遺伝子重複による遺伝子量増加がシステムを攪乱する影響も考慮せねばならない。このような背景の中で、重複遺伝子の進化研究を精力的に進めている研究者を招待し、重複遺伝子の理解を深めたい。

- 【WS8-1】 重複遺伝子の冗長性と異機能性 花田 耕介（理研・PSC）
- 【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・葉山）
- 【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（東京医科歯科大・難研）
- 【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（岡大・異分野コア）
- 【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・院生命科学、2Trinity College Dublin）
- 【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（国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門）
- 【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・学融）
- 【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・遺伝学専攻）

ワークショップ: WS9 (W1会場) 8月4日 (水) 13:00 ~ 16:00

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

企画者：太田 博樹（北里大学 医学部）

企画要旨：最近、ヒトのゲノム多様性の研究が急速に進み疾患リスクを示す数多くの一塩基多型（SNP）あるいはコピー数多型（CNV）などが見つかってきている。何故ヒトはそんなにも多くの「危ない」多型をゲノムに内包しているのだろうか？現生人類は約10万年前アフリカから拡散（Out-of-Africa）した新種である。メンデル遺伝をする疾患の場合、そのリスク・アレルは、ヒトの歴史の中で見ると、ごく最近生じたと考えられる一方、多因子疾患のリスク・アレルは、長い間かけて蓄積されてきたアレルの1つであると考えられる。本ワークショップでは、こうしたヒトの進化に立場から、遺伝性を示す疾患のメカニズム解明に取り組む研究者が話題を提供し「進化学の目で見ると新たなアプローチ」について議論する。

- 【WS9-1】 病気はなぜあるのか—進化生物学からの視点 長谷川真理子（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・院人間総合科学研究科）
- 【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（北里大学・医）
- 【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（統数研 / 1統数研, 2国立国際医療研究センター, 3名市大・医）
- 【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・生医研）

ワークショップ: WS10 (W2会場) 8月4日 (水) 13:00 ~ 16:00

ゲノム進化学の新展開

企画者：鈴木 善幸（国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター）

企画要旨：シーケンシング技術の進歩によるゲノムデータの蓄積により、集団遺伝学における種内の多型や分子進化学における種間の相違の研究を、ゲノム全体を対象として行うことが当たり前になった。また、蛋白質間相互作用ネットワーク、遺伝子発現プロファイル、RNAエディティング、さらにはエピゲノミクスなどに関する大規模データも蓄積されてきており、これらを組み合わせた解析により新たな進化学的知見が得られてきている。本ワークショップにおいては、このようなゲノム進化学の発展により明らかになってきた最新の知見を、集団遺伝学や分子進化学などの分野の最前線で活躍されておられる日米の研究者にお話しいただき、今後の展望を議論する。

【WS10-1】ゲノム進化学の新展開 鈴木善幸（遺伝研・生情）

【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（国立遺伝研・集団遺伝）

【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・基盤）

【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^{1,2}、郷 通子^{3,4,5}（1お茶大・院理、2お茶大・生命情報セ、3情報・システム機構、4長浜バイオ大、5東京医科歯科大）

【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学）

【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）

ワークショップ: WS11 (W1会場) 8月5日 (木) 9:00 ~ 12:00

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（東京薬科大学・生命科学部）、木賀 大介（東京工業大学・総合理工学研究科）

企画要旨：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、地質学、地球化学、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、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、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、それぞれの研究分野の現状を発表してもらうことにより、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す。

【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（横浜国大・院工）

【WS11-3】 自律的に成長・分裂する脂質膜 豊田太郎1 (1東大・院・総合文化)

【WS11-4】 核酸塩基の起源-人工塩基対の創出 平尾一郎 (理化学研究所・生命分子システム基盤研究領域)

【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・院総理)

【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・生命)

ワークショップ: WS12 (W2会場) 8月5日 (木) 9:00 ~ 12:00

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

企画者：鈴木 誉保 (理研・CDB)、金子 邦彦 (東大・総合文化)

企画要旨：近年、生態-進化-発生の融合を目論んだ研究領域 (Eco-Evo-Devo) が進展しつつある。この異なる時間・空間スケールに生じる現象を理解するためには、階層にまたがったダイナミクスが本質的に重要になる。すなわち、淘汰は発生プログラムを選ぶ一方で発生プログラムは進化の道筋にバイアスを与え、あるいは、環境は個体間の関係に影響を及ぼしつつも個体間の関係はまた環境をも変えうる。そこでは、部分から全体への一方通行の理解だけではなく、全体から部分への作用も含めた双方向からの理解が必要となることは疑いもない。この双方向性こそが、'複雑な'システムの理解には欠かせないと我々は主張してきた。本ワークショップでは、網羅的解析、定量的計測、新規のモデル動物の構築といった新たな技術を取り入れた実験や、計算機シミュレーション、力学系、統計力学の成果に基づいた理論研究の進展を中心に話題を提供する。

【WS12-1】 可塑性と遺伝的同化のゆらぎ理論 金子邦彦 (東大総合文化)

【WS12-2】 遺伝子発現の適応 四方哲也 (阪大・バイオ情報、ERATO・JST)

【WS12-3】 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 ○小田広樹1,2、金山真紀1,2、秋山-小田康子1 (1JT生命誌研究館、2大阪大学・院理)

【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・北方生物FSC)

【WS12-5】 枯葉に擬態した蛾・蝶の翅模様にもられるグラウンドプランと形態統合 ○鈴木誉保1、倉谷滋1 (1理研・CDB・形態進化)

ワークショップ: WS13 (W1会場) 8月5日 (木) 13:00 ~ 16:00

進化発生学の新たな地平をめざして

企画者：和田 洋 (筑波大学生命環境科学研究科)、三浦 徹 (北海道大学環境科学院)

企画要旨：生物は進化のプロセスで、多くの新規形質を現出させ、創造的な歴史を展開することで、我々を魅了してきた。このような創造的な歴史の背景を考えていきたい。形態進化と遺伝子の進化が1対1で対応するケースは決して一般的ではなく、多くの形質はポリジーンによる影響を受ける一方、逆に遺伝子の多くも多面的な発現をしている。また、集団の変異をマスクして遺伝的変異を蓄積するevolutionary capacitor (進化促進因子) として働く分子も報告されている。さらに、表現型の可塑性が形質進化をリードするという考え方も次第に一般的になりつつある。このような遺伝子型と表現型の複雑な関係の中に、創造性をもたらすようなまだ見ぬ口

ジックがあるのではないかと、考えられる。5人の演者による話題提供の後、会場のオーディエンスと共に模索していきたい。

- 【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¹、越智陽城¹ (1奈良先端大・バイオ)
- 【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・地球環境)
- 【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¹ (岡山大・異分野融合コア)
- 【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¹ (1筑波大・院生命・若手イニシアティブ)

ワークショップ: WS14 (W2会場) 8月5日 (木) 13:00 ~ 16:00

Phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies

企画者：中尾 央 (京都大学文学研究科)、三中 信宏 (農業環境技術研究所・東京大学)

企画要旨：As the title shows, this workshop focuses on phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies. While evolutionary studies of culture as a systematic research program started in 1970s or 1980s, the main aim of these studies has been to consider not the pattern but mainly the process of cultural evolution. Recently, however, phylogenetic methods and thinking have been a hot topic in cultural evolutionary studies. For example, some useful and interesting anthologies were published (e.g., Lipo et al. 2005; Mace et al. 2005; Shennan 2009) and in fact, we are planning to publish an anthology on this topic that the participants will contribute to. This workshop will consider such phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies from many kinds of perspectives.

- 【WS14-1】 **A brief history of phylogenetic methods in cultural evolutionary studies: An introduction.** NAKAO Hisashi (Department of Philosophy and History of Science, Graduate School of Letters, Kyoto University)
- 【WS14-2】 **The roots of cultural phylogenetics and the universal tree-thinking.** Nobuhiro 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, JSPS Post-Doctoral Fellow)
- 【WS14-4】 **Phylogenetic approach to "Wakuraba (老葉)" --an anthology of "Renga" by Sohgi.** Tamaki YANO (Fac.of Culture and Science, Doshisha Univ. Professor)
- 【WS14-5】 **Analyzing the development and evolution / origins of potpourri elements of 19th century Japanese Giyofu (pseudo western style) architecture using G. Kubler's.** 中谷礼仁 (早大・理工学術院・准教授)

進化学 夏の学校 (D会場)

「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学会員ばかりでなく高校生・生物学教師・一般の方を対象に開催される進化学の入門コースです。入場無料で、事前の参加登録も必要ありませんのでお気軽にご参加ください。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」をそれぞれSS1、SS2に企画しました。

夏の学校: SS1 8月2日 (月) 13:00 ~ 16:00

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・院理工）

企画要旨：本夏の学校は、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を紹介することを目的とする。分子系統解析には、ある程度の「定石」はあるものの、「こうすればいい」というお決まりの方法はない。解析の目的や方法、そのためのソフトウェアも日進月歩である。そこで、解析方法開発者（田村）、動物系統分類学者（田辺）、植物系統分類学者（奥山）という、違ったバックグラウンドの講師が、それぞれの分子系統解析論を披露する。参加者には、それらの中から共通点と多様性を見出し、自身の研究に相応しい分子系統解析の方法を自ら学びとってもらいたいと思う。

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

【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・院生命環境科学）

【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・植物）

夏の学校: SS2 8月2日 (月) 17:00 ~ 20:00

進化教育 夏の学校

企画者：嶋田正和（東大・総合文化・広域）、中井咲織（立命館宇治中・高）

企画要旨：2012年から実施される新学習指導要領の生物領域では、生命科学の急速な発展に対応することを考慮して大きな改訂がなされた。現指導要領との最も大きな違いは、「生物基礎（2単位）」・「生物（4単位）」の全編にわたって、進化的に単元内容をとらえることが可能になった点であろう。しかし一方で、これまで中等教育において進化の学習が軽視されていたことなどから、高校生物教員の進化生物学に対する理解は充分とはいえない。また、実験や観察の方法も少ないために、高校で進化を教えることに対する不安を抱える教員も少なくない。そこで、高校生物において進化生物学を取り入れる方法論や問題点、生徒実験の提案などの話題提供をするとともに、進化生物学的な視点に基づいた生物教育のありかたや実践方法について、聴衆も含めて議論したい。

- 【SS2-1】新学習指導要領での進化の扱い 嶋田 正和（東大・総合文化・広域）
- 【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・生命）
- 【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都立江北高校、2都立豊島高校、3都立墨田川高校）
- 【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・東大院学際情報・東理大院科学教育）
- 【SS2-6】ポストクのキャリアパス—進化学のサポーターを養成するしごと— 田中秀二（京都府立洛北高等学校）

一般口頭発表 (O会場)

持ち時間は発表12分、質疑応答3分です。一鈴10分、二鈴12分、三鈴14分30秒です。

一般口頭発表: OP1 8月3日 (火) 9:00 ~ 12:00

座長: 田尻怜子 (理研CDB)

- 9:00~ 【OP1-1】 **母性効果の多面発現とエピジェネティクスがもたらす純化淘汰** 宇津野宏樹1、○浅見崇比呂1、Edmund Gittenberger2 (1信州大、2Leiden Univ.)
- 9:15~ 【OP1-2】 **関節で向かい合う骨格の二面がピッタリと嵌まり合う仕組み—昆虫の肢の関節の発生学と比較形態学—** ○田尻怜子、林茂生 (理研CDB)
- 9:30~ 【OP1-3】 **謎の動物 珍渦虫 *Xenoturbella bocki* の進化と系統** 中野裕昭 (筑波大・下田臨海)
- 9:45~ 【OP1-4】 **脊椎動物の頭部オーガナイザー獲得に関わるエンハンサー進化** ○安岡有理1、丹藤由希子2、窪川かおる2、平良真規1 (1東大・院理・生物科学、2東大・院理・臨海)
- 10:00~ 【OP1-5】 **円口類ヤツメウナギの終脳発生におけるD-Vパターンニングと領域化機構~脊椎動物終脳の進化の理解に向けて~** ○菅原文昭12、青田伸一1、倉谷滋1 (1理研CDB、2神戸大・院理)
- 10:15~ 【OP1-6】 **咽頭弓進化の解明を目指したPax1とPax9の発現・機能解析** ○岡田和訓1、猪早敬二2、工藤明2、和田洋1 (1筑波大学・院生命環境、2東工大・生命理工)
- 10:30~ 【OP1-7】 **高い突然変異率がもたらす哺乳類集団への影響と新たな表現型の創出** ○内村有邦1、日高裕子1、古澤満2、八木健1 (1阪大・生命機能、2(株)ネオ・モルガン研究所)
- 10:45~ 【OP1-8】 **長期実験室内進化からみた大腸菌の変異と発現の変遷** ○應 蓓文1、北原 和樹1、飯島 玲生2、小野 直亮1、古澤 力1、鈴木 真吾1、岸本 利彦4、四方 哲也1,2,3 (1阪大院・情報・バイオ情報; 2阪大院・生命機能; 3ERATO, JST; 4東邦大・理)
- 11:00~ 【OP1-9】 **オキナワトゲネズミの SRY の機能性と新たな性染色体領域の構造** ○村田知慧1、山田文雄2、河内紀浩3、松田洋一4、黒岩麻里1,5 (1北大・院生命科学、2森林総研、3八千代エンジニアリング、4名大・院生命農学、5北大・院理学研究)
- 11:15~ 【OP1-10】 **Xenopus 2種の比較染色体地図から推定される四肢動物のゲノム・染色体進化とアフリカツメガエルのゲノム倍数化過程** ○宇野好宣1,2、西田千鶴子3、高木知世4、上野直人4,5、松田洋一1 (1名大・院生命)
- 11:30~ 【OP1-11】 **シクリッドの適応放散に貢献したB染色体** ○吉田 恒太1、黒岩 麻里2、寺井 洋平1、溝入 真治1、相原 光人1、平井 啓久3、平井 百合子3、西原 秀典1、小林 直樹1、松田 洋一4、岡田 典弘1 (1東工大・院生命理工、2北大・院理学研究院、3京大・霊長研、4名大・院生命農学)
- 11:45~ 【OP1-12】 **外来生物であるヒアリ (*Solenopsis invicta*) が侵入地域で示す細胞生物学的変異** ○村上貴弘1、笹千舟2、佐藤一樹1、坂本洋典2、東正剛2 (1北教大・環境、2北大・環科院)

一般口頭発表: OP2 8月3日(火) 13:00 ~ 16:00

座長: 田村浩一郎(首都大・院理工) / 大島一彦(長浜バイオ)

- 13:00~ 【OP2-1】 **アーキア由来核酸関連酵素におけるRNAとDNAの曖昧な認識について** ○金井昭夫、佐藤朝子、富田勝(慶應義塾大学先端生命科学研究所)
- 13:15~ 【OP2-2】 **局所尤度と階層ベイズによる多様化圧の空間マッピング** ○渡部輝明1、岸野洋久2(1高知大・医、2東大・院農学生命科学)
- 13:30~ 【OP2-3】 **ミツバチの重複TRPチャネル遺伝子AmHsTRPAの機能と進化** 河野景吾1、曾我部隆彰2、富永真琴2、○門脇辰彦1(1名大院・生命農、2岡崎統合バイオ・細胞生理)
- 13:45~ 【OP2-4】 **クロショウジョウバエにおける抗菌ペプチド遺伝子の網羅的探索** ○瀬戸陽介、田村浩一郎(首都大・院理工)
- 14:00~ 【OP2-5】 **キロショウジョウバエ種群における抗菌ペプチドDrosomycin遺伝子群の分子進化** 小山あずさ、○田村浩一郎(首都大・院理工)
- 14:15~ 【OP2-6】 **脊索動物における筋アクチンの進化速度と生態との関係** ○寺門 潔(埼玉大・元教授)
- 14:30~ 【OP2-7】 **2種の孵化酵素をもつミルクフィッシュChanos chanosの卵膜分解機構とその進化** ○佐野香織1、川口真理2, 3、渡部諭史4、井内一郎5、安増茂樹5(1.上智大・生物学、2.東大・大気海洋研、3.学振PD、4国際農研セ、.5.上智大・物質生命)
- 14:45~ 【OP2-8】 **野生メダカ集団におけるcytochrome P450遺伝子のアレル間機能差** ○勝村啓史1、尾田正二1、三谷啓志1、河村正二1、太田博樹1.2(1東大・院新領域、2北里大・医)
- 15:00~ 【OP2-9】 **免疫プロテアソームサブユニットPSMB8遺伝子の二型性の進化** ○藤戸尚子1 塚本健太郎1,2 野中勝1(1東大・院理 2藤田保健衛生大・総医研)
- 15:15~ 【OP2-10】 **両生類有尾目アカハライモリにおける免疫プロテアソームサブユニットPSMB8遺伝子二型性の検証** ○田中雄太1、野中勝2(1東海大・院工 2東大・院理)
- 15:30~ 【OP2-11】 **X染色体上のガン免疫抗原遺伝子群のゲノム構造と進化** ○桂有加子1・颯田葉子1(1総研大・先導研)
- 15:45~ 【OP2-12】 **Inference for the initial stage of domain shuffling: tracing the evolutionary fate of the PIPSL retrogene in hominoids.** ○Kazuhiko Ohshima and Kumiko Igarashi(Nagahama Institute of Bio-Science and Technology)

一般口頭発表: OP3 8月4日 (水) 9:00 ~ 12:00

座長：東城幸治 (信大・理)

- 9:00～ 【OP3-1】 更新世の気候変動に伴う遺伝子浸透： *Cardamine bellidifolia*によるミヤマタネツケバナ (*Cardamine nipponica*) への一方向性遺伝子浸透 ○池田啓1、Carlsen Tor2、藤井紀行3、Brochmann Christian4、瀬戸口浩彰5 (1東京大・院理、2オスロ大・MERG、3熊本大・院理、4オスロ大・NCB、5京都大・院人環)
- 9:15～ 【OP3-2】 パナマ地峡の形成による海産巻貝の種分化 三浦収 (京大・院地球環境)
- 9:30～ 【OP3-3】 東ポリネシアへの複数回にわたる独立な進出から明らかになる絶対送粉共生系 (カンコノキ属、ハナホソガ属) の進化動態 ○David Hembry1、岡本朋子2、川北篤3、Bruce Baldwin1、加藤真4、Rosemary Gillespie1 (1University of California, Berkeley、2JT生命誌研究館、3京大・生態研、4京大・地球環境学堂)
- 9:45～ 【OP3-4】 日本に生息するカイコの野生種であるクワコ (*Bombyx mandarina*) の地理的分化について ○行弘研司1、岩田和也1、河本夏雄1、富田秀一郎1、門野敬子1、木内信1、伊藤雅信2、伴野豊3 (1.生物研、2.京都工繊大、3.九大農)
- 10:00～ 【OP3-5】 ナカハグロトンボとコナカハグロトンボの個体群構造と遺伝的構造 菅家恵未1、鈴木浩平2、鈴木智也2、関根一希3、○東城幸治4 (1北大・院環、2信大・院工、3信大・院総工、4信大・理)
- 10:15～ 【OP3-6】 小笠原固有種オガサワラネプトクワガタはどこから来たか? 松浦 宏典○、川添 和英、熊澤 慶伯 (名古屋市立大学 システム自然科学研究科)
- 10:30～ 【OP3-7】 複数の核遺伝子による有翅昆虫のベーサルクレードの系統解析 ○石渡啓介1、宮田隆2、蘇智慧1,2 (1 阪大・院理、2 JT生命誌研究館)
- 10:45～ 【OP3-8】 海洋プランクトン・浮遊性有孔虫における左右二型集団の遺伝的進化 ○氏家由利香1、Frédéric Quillevère2、浅見崇比呂1 (1信州大・理・生物、2University of Lyon)
- 11:00～ 【OP3-9】 Evolutionary History of Wild and Cultivated Asian Rice Deciphered by Gene Tree Discordance Analysis. ○Ching-chia Yang1,2, Hiroaki Sakai2, Takeshi Itoh2 (1Grad School Frontier Sci, Univ Tokyo, 2Natl Inst Agrobiol Sci)
- 11:15～ 【OP3-10】 栽培イネと野生イネの分子系統解析：葉緑体DNAを用いた古イネDNA分析のリファレンス作成 ○熊谷真彦1、王瀝2、植田信太郎1 (1東大・院理、2中国科学院)
- 11:30～ 【OP3-11】 海産渦鞭毛藻感染性ウイルスと家畜病原性ウイルスの進化系統関係 ○長崎慶三1、豊田健介1、中山奈津子1、外丸裕司1、Jean-Michel Claverie2、緒方博之2 (1 水研セ・瀬戸内水研、2 仏・CNRS)
- 11:45～ 【OP3-12】 ベイズ法による種の分岐年代推定に化石制約が及ぼす影響 ○井上 潤1, Donoghue Philip2, Yang Ziheng1 (1 University College London, 2 University of Bristol)

一般口頭発表: OP4 8月4日(水) 13:00 ~ 16:00

座長: 岩崎渉 (東大・新領域・情報生命)

- 13:00~ 【OP4-1】 **車輪樹法: 曖昧な進化系統解析結果をどう認識するか** ○岩崎渉¹, 高木利久¹⁻³ (1 東大・新領域・情報生命, 2情・シ機構 ライフサイエンス統合DBセ, 3遺伝研)
- 13:15~ 【OP4-2】 **Statistics of Nucleotide Configurations (SNC): a New Method for Reconstruction of Phylogenetic Trees from Large Multiply Aligned Sequence Data.** ○斎藤成也¹, Kirill Kryukov¹ (1 国立遺伝学研究所)
- 13:30~ 【OP4-3】 **系統解析用オーソログデータセット作成法の開発** ○堀池徳祐¹, 宮田大輔², 葉袋良一¹, 舘野義男³ (1静岡大・GRL, 2千葉商科大・商, 3遺伝研・DDBJ)
- 13:45~ 【OP4-4】 **The pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*: an emerging model organism for ecological, developmental and evolutionary studies.** ○重信秀治¹ (1基生研・機能解析セ)
- 14:00~ 【OP4-5】 **人はなぜ賢くなったのか?** ○中橋渉 (明治大・先端数理)
- 14:15~ 【OP4-6】 **哺乳類ゲノムにおける系統特異的高度保存非コード領域の進化** ○高橋真保子¹, 斎藤成也^{1,2} (1総研大遺伝学専攻, 2 遺伝研集団遺伝)
- 14:30~ 【OP4-7】 **RNAスプライシング機構の進化: スプライシング因子保存性についての網羅的解析** ○嶋田誠¹, 内山郁夫², 前田明¹ (1藤田保衛大・総医研, 2基生研)
- 14:45~ 【OP4-8】 **ピロリ菌10株のゲノム比較によるゲノム再編の検出** 河合幹彦¹, ○古田芳一², 矢原耕史³, 鶴剛史⁴, 高橋規子², 半田直史², 大島健志朗², 服部正平², 吉田優⁵, 東健⁵, 内山郁夫¹, 小林一三² (1基生研, 2東大・院新領域, 3久留米大・院医, 4東大・院理, 5神戸大・院医)
- 15:00~ 【OP4-9】 **tRNADB-CEを用いたメタゲノム配列データに対する新規分子系統マーカーとしてのtRNA遺伝子の利用** ○阿部 貴志¹, 井口 八郎¹, 上原啓史¹, 山田優子¹, 武藤昱², 池村淑道¹ (1長浜バイオ大学, 2弘前大学)
- 15:15~ 【OP4-10】 **マイクロRNA遺伝子族による遺伝子制御網構成の特質** ○岩間久和¹, 村尾孝児², 井町仁美³, 石田俊彦⁴ (1香川大・総合生命科学研究センター, 2香川大・医, 3香川大・医, 4香川大・医)
- 15:30~ 【OP4-11】 **多種間全タンパク質クラスタリングに基づく光合成生物の系統特異的タンパク質の検出と進化史の推定** 佐藤直樹 (東大・総合文化)
- 15:45~ 【OP4-12】 **Genome Composition Database.** ○Kirill Kryukov^{1,2}, Kenta Sumiyama¹, Kazuho Ikeo², Takashi Gojobori² and Naruya Saitou¹ (1Division of Population Genetics, National Institute of Genetics; 2Human Genome Project, National Institute of Genetics)

一般口頭発表: OP5 8月5日(木) 9:00 ~ 12:00

座長: 颯田葉子 (総研大・先導研)

- 9:00~ 【OP5-1】 **偽遺伝子化と人類進化** ○ 颯田葉子1、川嶋彩夏1、井川武2 (1総研大・先導研、2 広大・院理)
- 9:15~ 【OP5-2】 **ミトコンドリアDNAから見たメソアメリカ地域先住民集団-1** ○ 水野文月1、五條堀 淳2、王瀝3、大西啓介4、杉山三郎5、Victor Acuna6、植田信太郎7 (1,4,7東大・理・人類、2総研大・葉山、3中国科学院、5愛知県立大学大学院国際文化研究科、6 メキシコ国立人類歴史学院)
- 9:30~ 【OP5-3】 **ミトコンドリアDNAから見たメソアメリカ地域先住民集団-2** ○ 五條堀淳1、水野文 月2、王瀝3、大西啓介2、杉山三郎4、Victor Acuna5、植田信太郎2 (1総研大・葉 山、2東大・理・人類、3中国科学院、4愛知県立大・院・国際文化、5メキシコ国立 人類歴史学院)
- 9:45~ 【OP5-4】 **Swadesh基礎100語彙中の身体部分名称の比較に基くユーラシア諸言語の南島語族 起源性** ○大西耕二 ((新潟大・元教授))
- 10:00~ 【OP5-5】 **チンパンジーとヒトの目の動きの種差** ○狩野文浩、友永雅己 (1・2霊長類研究 所、1日本学術振興会)
- 10:15~ 【OP5-6】 **変動選択と内在的制約による遺伝子制御ネットワークの進化** ○津田真樹、河田雅圭 (東北大・院・生命科学)
- 10:30~ 【OP5-7】 **表現型可塑性の共進化: 誘導攻撃が誘導防御よりまれなわけ** ○舞木昭彦1、岸田治 2、巖佐庸3 (1九大・院理、2北大、3九大・院理)
- 10:45~ 【OP5-8】 **パナマの毒ガエルの体色分化を説明する量的遺伝モデル: 配偶者選択はランダムドリ フトを強化するか?** ○巖佐 庸1、Sam Tazzyman2 (1九大・院理、2UCL, UK)
- 11:00~ 【OP5-9】 **ヴォルバキア感染による性比の偏りが宿主集団の遺伝的多様性に与える影響について の理論的研究** ○小林豊 (京大・生態研)
- 11:15~ 【OP5-10】 **アブラムシの生活史多型を担う幼若ホルモンを介した発生生理機構** ○石川麻乃1、 小川浩太1、後藤寛貴1、三浦徹1 (1北大・環境科学院)
- 11:30~ 【OP5-11】 **性的対立がもたらす頻度依存選択: 少数者利益と型比の進化的動態** ○高橋佑磨1・ 吉村 仁2・守田 智2・渡辺 守1 (1筑波大・生命環境, 2静岡大・創造院)
- 11:45~ 【OP5-12】 **生態適応に伴う植物間相互作用の変化** 鈴木亮1、鈴木智之2 (1筑波大・菅平セ、2 北大・苫小牧)

一般ポスター発表

一般ポスター発表: P1 8月2日(月) 12:00 ~ 3日(火) 19:30

8月3日(火)にポスター発表(奇数番号16:30-17:30、偶数番号18:00-19:00)をおこないますので、ポスターの前に立って内容の説明をお願いします。その後19:45までにポスターを撤去してください。

- [P1-1] 首都圏に分布する日本産ヒキガエル (*Bufo japonicus*) 個体群の、高すぎる遺伝的多様性とそ
の影響 ○長谷和子1、二河成男2、嶋田正和1 (1東大院・広域システム、2放大・教養)
- [P1-2] 外来種クサガメによる日本在来種ニホンイシガメへの遺伝子汚染 ○鈴木大1・矢部隆2・疋田努
1 (1京大・院理、2愛知学泉大・コミュニティ)
- [P1-3] 鱗食カラシンの左右性：顎形態の左右非対称性と対応する捕食行動の利き ○畑 啓生1、八杉公
基2、堀 道雄2 (1愛大・院理工、2京大・院理)
- [P1-4] 東アフリカ三大湖産シクリッドにおける分子進化速度についての研究 ○白井 一正1、猪股 伸
幸2、相原 光人3、溝入 真治3、寺井 洋平3、岡田 典弘3、舘田 英典2 (1九大・システム
生命、2九大・院理、3東工大・院生命理工)
- [P1-5] 生息環境での光の受容効率からみたシクリッドのオプシンの適応と種分化 ○寺井洋平1、宮城竜
太郎1、溝入真治1、相原光人1、Semvua I. Mzighani1、沖津貴志2、和田昭盛2、菅原亨3、今
井啓雄3、岡田典弘1 (1東工大・院・生命理工、2神戸薬科・生命有機、3京大・霊長研)
- [P1-6] 同所的に多様化した光受容体と婚姻色が誘導するヴィクトリア湖シクリッドの種多様性 ○宮城
竜太郎1、寺井洋平1、相原光人1、溝入真治1、菅原亨2、今井啓雄2、舘田英典3、沖津貴志4、
和田昭盛4、岡田典弘1 (1東工大・院生命、2京大・霊長研、3九大・院理、4神戸薬科大・院・
生命有機化学)
- [P1-7] グッピーLWSオプシン遺伝子にかかる選択圧の検出 ○手塚あゆみ1、笠木聡2、河村正二
2、Cock van Oosterhout3、松島野枝1、河田雅圭1 (1東北大・院・生命科学、2東大・院・新
領域、3University of Hull、)
- [P1-8] バイカルカジカ類のProcottus属における視覚関連遺伝子の適応と分化 ○横山良太1, V. G.
Sideleva2, 宗原弘幸1, 高橋洋3, 木下泉4, 後藤晃1 (1北大・FSC, 2ロシア科学アカデ
ミー, 3水大校・生物生産, 4高知大・海洋生物)
- [P1-9] パラオ諸島海水湖に生息するヤクシマイワシ属魚類におけるMHC遺伝子の多型解析 ○後藤亮
1、半澤直人1 (山形大・院理工)
- [P1-10] ジーンフローが局所適応を抑制する：河川性サケ科魚類による実証研究 小泉逸郎 (北大・創
成)
- [P1-11] 属間交雑か？極端な平行進化か？ ○森井悠太1、横山潤2、河田雅圭1、千葉聡1 (1東北大・
院生命科学、2山形大・理)
- [P1-12] とあるメダカの繁殖戦略～せっかくだから、おれはこの白の糸を選ばせ ○小林和也 (北大・院
農)
- [P1-13] Testing predictions of the neutral theory of biodiversity with haplotype data. ○
藤澤知親1, Andres Baselga2, Alfried Vogler1 (1Division of Biology, Imperial College
London, 2Faculty of Biology, University of Santiago de Compostela)
- [P1-14] シロアリにおけるゲラニルゲラニルニリン酸合成酵素のジテルペン合成への機能進化 ○北條優
1、前川清人2、徳田岳1 (1琉球大・熱生研、2富山大・院理・生物)
- [P1-15] アカショウジョウバエにおける低温適応の遺伝機構 ○磯部琴葉、田村浩一郎 (首都大・院理
工)

- [P1-16] 標高勾配に沿った樹木個体群の局所適応 ～いつ、どこで生じるか？～ ○石塚航1、後藤晋1 (東大・農学生命)
- [P1-17] 溪流沿い植物の葉形態の機能と進化 ○野村尚史 (科博・植物園)
- [P1-18] 生活史の異なる植物種間における非対称な交雑 ○柿嶋聡、東馬哲雄、邑田仁 (東大・院理)
- [P1-19] 雑種集団環境に適応的な種への置き換わり～林床性エイザンスミレと草原性ヒゴスミレにおいて ○遠山弘法1、矢原徹一2 (九大・理)
- [P1-20] ゲノム排除による生殖隔離：アイナメ属の半クローン生殖 ○木村幹子1、阿部周一2、荒井克俊2、河田雅圭1、宗原弘幸3 (1東北大・院・生命科学、2北大・院・水産、3北大・FSC)
- [P1-21] 地理的単為生殖昆虫オオシロカゲロウにおける雌性個体群の分布・拡大 ○関根一希1、東城幸治2 (1信州大・院・総合工、2信州大・理・生物)
- [P1-22] 無融合生殖種ニガナと有性生殖種イソニガナは交雑しているのか？～ニガナの遺伝的多様性・番外編その吉～ ○中川さやか、伊藤元己 (東大・院・総合文化・広域)
- [P1-23] 無配生殖をするヤブソテツの配偶体/次世代胞子体における倍数性について ○大槻涼、村上哲明 (首都大・牧野標本館)
- [P1-24] 平等主義的社会における社会交渉：ライオンの親和的行動の機能 ○的場知之1、沓掛展之2,3、長谷川寿一1 (1東大・総合文化、2総研大・葉山、3JSTさきがけ)
- [P1-25] ミュラー型擬態を寄生的にする2つの要因 ○本間淳1、Johanna Mappes2、沓掛展之1 (1総研大・先端科学、2 University of Jyväskylä)
- [P1-26] 食性分化と認知：シジュウカラ、ヤマガラ、ハシブトガラのリスク感受性比較 ○川森愛1、松島俊也2 (1北大・院生命、2北大・院理学)
- [P1-27] オオカマキリの性的共食いの進化的要因を探る ○渡辺衛介1、三浦一芸1,2 (1広島大・院・生物圏、2近中四農研)
- [P1-28] 複数レベル淘汰で考察するアミメアリの社会行動 ○早坂脩平1、廣田忠雄2 (1山形大・院理工、2山形大・理)
- [P1-29] ライバルが鍛える防衛力～ウメマツオオアリ亜属の形質置換 小針洋助、白戸亮吉、○廣田忠雄 (山形大・院理工)
- [P1-30] 女王の越冬生存におけるワーカーの役割 ○白戸亮吉1、佐藤俊幸2、廣田忠雄3 (1山形大・院理工、2東京農工大・獣医、3山形大・理)
- [P1-31] 捕食性テントウムシ近縁2種における食性幅の進化 ○鈴木紀之1、大澤直哉2、西田隆義1 (1京大院・農・昆虫生態、2京大院・農・森林生態)
- [P1-32] キイロショウジョウバエにも見られた発育期間と概日リズムの遺伝相関：人為選抜実験とゲノムワイドスクリーニングの結果から 寺村皓平1、○宮竹貴久1、岡田泰和1、高橋一男2 (1岡大・院環境、2岡大・異分野融合コア)
- [P1-33] *Saccharomyces*属酵母における種間の生殖隔離について ○久富泰資、杉原千紗、郷原通人、松井亮仁 (福山大・生命工学)
- [P1-34] 大腸菌高温適応時にみられる細胞挙動の解析 ○橋本 智美1、小宅 綾菜1、岸本 利彦1、四方 哲也2,3 (1東邦大・院・理、2阪大・院・情報科学、3ERATO,JST)
- [P1-35] 大腸菌の耐熱進化時にみられる相互作用の解析 ○小宅綾菜1、岸本利彦1、四方哲也2,3 (1東邦大・院理、2 阪大院・情報科学、3 ERATO・JST)
- [P1-36] 複数系列の大腸菌の高温適応進化過程におけるゲノム変異解析 ○飯島玲生1、小宅綾菜2、橋本智美2、金子冬朗3、鈴木真吾3、岸本利彦2、應 蓓文3、四方哲也3,4 (1阪大院・生命機能、2東邦大院・理、3阪大院・情報・バイオ情報、4JST・ERATO)
- [P1-37] 高温適応進化における大腸菌の発現プロファイルのスナップショット ○北原 和樹1、岸本利彦2、小野 直亮1、古澤 力1、鈴木 真吾1、應 蓓文1、四方 哲也1,3,4 (1大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻 2東邦大学理学部 3大阪大学大学院生命機能研究科 4ERATO,JST)

- 【P1-38】大腸菌とバクテリオファージQ β を用いた実験室内共培養系における寄生者の宿主特異性の変化
○柏木明子1、四方哲也2,3,4 (1弘前大・農学生命、2阪大・院情報科学、3阪大・院生命機能、4ERATO・JST)
- 【P1-39】クルミホソガにおける幼虫の寄主適応の遺伝基盤 ○大島一正, 長谷部光泰 (基生研・生物進化)
- 【P1-40】植物細胞を延命・肥大・分裂増殖させるエゴノキハイボタマバエの寄主改変メカニズム ○徳田誠1、軸丸裕介2、神谷勇治2、湯川淳一3、深津武馬4 (1九大・高推セ、2理研・PSC、3九大、4産総研)
- 【P1-41】オオムギ染色体導入コムギを用いた昆虫による植物形態操作機構へのアプローチ ○神代 瞬1・松倉 啓一郎2・軸丸 裕介3・川浦 香奈子4・松村 正哉2・神谷勇治3・荻原 保成4・徳田 誠5 (1九大院・生資環・昆虫、2九州沖縄農研、3理研・PSC、4横浜市大・木原生研・5九大・高推セ)
- 【P1-42】捕食寄生蜂が寄主昆虫を操作して植物の形態を変化させる？ —植物形態操作を介した一次捕食寄生者による高次捕食寄生回避戦略— 藤井 智久1、松尾 和典2、阿部 芳久1、湯川 淳一3、徳田 誠4 (1九大院・比文、2九大院・生資環、3九大、4九大・高推セ)
- 【P1-43】ヒメナガカメムシ類における菌細胞共生系の進化的起源 ○松浦優1、2、菊池義智2、古賀隆一2、細川貴弘2、深津武馬2 (1筑波大・院生命環境、2産総研・生物プロセス)
- 【P1-44】細胞内共生細菌の感染限界：数理モデルによるアプローチ ○河崎 祐樹1、伊藤 浩史2、梶村 恒1 (1名古屋大・生命農、2お茶大・アカプロ)
- 【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)
- 【P1-46】誰でもいいの？：チャバネアオカメムシの絶対的相利共生細菌に見られる個体間多型 ○細川貴弘1、深津武馬1 (1産総研・生物共生進化機構)
- 【P1-47】寄生蜂が介在する絶対送粉共生系の進化的安定性 ○後藤龍太郎1、加藤真1 (1京大・人環)
- 【P1-48】群集の α 多様性と β 多様性が形作る進化：ハムシの資源選好性における種内変異 ○内海俊介1、安東義乃2、大串隆之3 (1東大・広域、2京大・生態研、3京大・生態研)
- 【P1-49】演題取り消し
- 【P1-50】発生拘束が誘導防御の適応的切り替え時期を決定する ○細 将貴 (東北大・院生命科学)
- 【P1-51】ギャップ情報を利用した分子系統樹推定—多重配列整列と整列の不確実な領域の除去が及ぼす影響— ○田辺晶史1 (1筑波大・院生命環境科学)
- 【P1-52】ミトコンドリアDNAを用いたサキシマスベトカゲ*Scincella boettgeri*の系統地理 ○小泉有希、疋田努 (京大・院理)
- 【P1-53】分子系統学的アプローチによる頸腺の進化史 ○竹内寛彦、森哲、疋田努 (京大・院理)
- 【P1-54】分子系統解析により判明したウグイ亜科魚類の極東地域における独自の進化 ○佐々木 剛1、井元 順一2、Yuri P. Kartavtsev3、足立 淳4、半澤 直人2 (1東京農大・農、2山形大・院理工、3露科学アカデミー・海洋生物研、4統数研・モデリング)
- 【P1-55】ミトコンドリアDNA全長の塩基配列決定によるカグラザメ目の系統関係 ○田中景子1、椎名隆1、猪子英俊1、田中彰2 (1東海大・医、2東海大・海洋)
- 【P1-56】カグラザメ目サメ類におけるミトコンドリアDNA調節領域の多様性と進化 ○金城その子1、小見山智義2、椎名隆2、田中景子2、田中彰3、池尾一穂1 (1遺伝研・生命情報センター、2東海大・医、3東海大・海洋)
- 【P1-57】新大陸産マメゾウムシの多様性は適応放散によってもたらされたのか？ ○加藤俊英1、Arturo Bonet2、吉武啓3、神保宇嗣1、伊藤元己1、嶋田正和1 (1東大・院・総合文化、2. Institute de Ecologia, Mexico、3. 農環研・インベントリセンター)
- 【P1-58】比較系統地理によるクマゼミとアブラゼミの分散パターンの推定 ○長太伸章1、曾田貞滋1 (1京都大・院理)

- 【P1-59】 **東南アジア産テイオウシジミの分子系統地理** ○矢後勝也1、Alexander L. Monastyrskii2、近藤真理子3、Richard I. Vane-Wright4,5、Bakhtiar Yahya6、Djunijanti Peggie7、上島励8 (1 東大・総合研究博物館、2 Vietnam-Russia Research Tropical Centre、3東大・院理・臨海、4 The Natural History Museum, London、5 Univ. Kent、6 Univ. Malaysia Sabah、7 Research Centre for Biology, LIPI、8 東大・院理・生物科学)
- 【P1-60】 **複数の核遺伝子による多足亜門の系統解析** ○宮澤秀幸1、上田千晶1、石渡啓介1、宮田隆2、蘇智慧1,2 (1 阪大・院理、2 JT生命誌研究館)
- 【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)
- 【P1-62】 **Japonic Language Phylogenies Support Agricultural Origin of Japan.** Lee Sean Sangheon (東大・総合文化研究科)
- 【P1-63】 **人類洞窟デジタル進化仮説 - 言語のセントラルドグマ 記憶→信号→意味** 得丸公明 (衛星システムエンジニア・自然思想家)

一般ポスター発表: P2 8月4日(水) 8:30 ~ 5日(木) 16:00

8月5日(木)にポスター発表(奇数番号13:00-14:00、偶数番号14:30-15:30)をおこないますので、ポスターの前に立って内容の説明をお願いします。

- [P2-1] **巻貝の貝殻らせん成長のEvo-Devo** ○清水啓介¹、遠藤一佳² (1筑波大・院教育、2東京大・院理)
- [P2-2] **The expression of germ-cell development gene vasa in asexual and sexual modes in the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*.** Gee-way Lin (林季瑋)^{1,2}, Chun-che Chang (張俊哲)¹ and Toru Miura (三浦 徹)² (1台湾大学・院農・昆虫体系、2北大・院環境)
- [P2-3] **半翅目昆虫の多様化の鍵を握る特徴的な口器の相同性について -コオイムシの胚発生-** ○鈴木智也¹、東城幸治^{1・2} (1信大・院理、2信大・理)
- [P2-4] **脊椎動物の対鰭獲得過程における発生プログラムの変化の解明** ○鬼丸洸¹、松浦麻奈美¹、將口栄一²、倉谷滋³、田中幹子¹ (1東工大・生命理工、2OIST、3CDB RIKEN)
- [P2-5] **Developmental basis of heart development in the Japanese lamprey, *Lethenteron japonicum*.** Nobuhiro Kokubo¹, Manami Matsuura¹, Koh Onimaru¹, Shigehiro Kuraku², Shigeru Kuratani², ○Mikiko Tanaka¹ (1 Tokyo Institute of Technology, 2 CDB, RIKEN)
- [P2-6] **真骨魚類の対鰭に侵入する筋芽細胞の解析** ○菊地裕輔、中谷友紀、宗像啓司郎、田中幹子 (東工大・生命理工)
- [P2-7] **肢芽の形成位置を設定する側板中胚葉の区画化メカニズムの解析** ○植田翔悟、金澤康子、須田夏野、山田亮、田中幹子 (東工大・生命理工)
- [P2-8] **AP-1 transcriptional factors regulate numbers of apoptotic cells in developing chick limb buds.** ○須田夏野¹、白川大介¹、片岡浩介先生²、Cheryll Tickle³、田中幹子⁴ (1東工大・院理、2奈良先・准教授、3バース大・教授、4東工大・准教授)
- [P2-9] **脊椎動物における上顎の形態進化 -前上顎領域の形態形成の比較から-** ○東山大毅^{1,2}、倉谷滋¹ (1理化学研究所・CDB、2神戸大・院理、)
- [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¹、倉谷滋¹ (1理研CDB)
- [P2-11] **枯葉に擬態した蛾・蝶の翅模様にもられるグラウンドプランと機能的な統合** ○鈴木誉保¹、倉谷滋¹ (1理研・CDB・形態進化)
- [P2-12] **脊椎動物頭部中胚葉の進化** ○足立礼孝^{1,2}、倉谷滋^{1,2} (1神戸大・院理、2理研CDB)
- [P2-13] **ヌタウナギにおける咽頭弓の発生と脊椎動物の頭部形態の進化** ○大石康博^{1,2}、太田欽也²、倉谷滋² (1神戸大・院理 2CDB)
- [P2-14] **副神経の発生と進化** ○多田基紀 倉谷滋 (理研CDB・形態進化研究グループ)
- [P2-15] **外来イトヨの新規環境への適応・定着機構** ○安達竜也¹、森誠一²、河田雅圭¹、北野潤¹ (1東北大・院・生命 2岐阜経済大・経済)
- [P2-16] **カナヘビ属の頭骨における形態学的多様性と進化** ○菊川信人、疋田努 (京大・院理)
- [P2-17] **クジラとウミヘビの嗅覚器官とolfactory marker protein(OMP)遺伝子** ○岸田拓士¹、Clement Lamy¹、戸田守²、阿形清和¹、疋田努¹ (1京大・院理、2琉大・熱生研)
- [P2-18] **新規な筋の形成における末梢神経形態のダイナミクス** ○中山智生¹、土岐田昌和² (1筑波大・生物学類 2筑波大・院生命環境)
- [P2-19] **イタチ科動物における後肢形態と水中口コモーション特性との関係** ○森健人¹、鈴木聡²、小藪大輔¹、木村順平³、遠藤秀紀⁴ (1東大・院理、2京大・院理・動物、3ソウル大・獣医・解剖、4東大・博物館)
- [P2-20] **食虫目哺乳類(Eulipotyphla)の胎子期における頭骨発生のヘテロクロニーとモジュール性** ○小藪大輔¹、Marcelo Sanchez-Villagra²、遠藤秀紀³ (1東大・院理、2Univ. Zuirch、3東大・総合研究博)

- 【P2-21】 腹足類における機能的トレードオフ ○野下浩司1, 浅見崇比呂2, 生形貴男3 (1九大・院シス生, 2信州大・理, 3静大・理)
- 【P2-22】 付加成長殻生物の3D形態測定学 生形貴男 (静岡大・理)
- 【P2-23】 ショウジョウバエの翅形態による種分類の可能性を探る ○川名沙羅、小川佳孝、北條優、田村浩一郎 (首都大・院理工)
- 【P2-24】 進化する遺伝情報の自己複製システムの構築 ○市橋 伯一1、松浦 友亮1,2、四方 哲也1,3,4 (1ERATO・JST, 2阪大・院工, 3阪大・院情報, 4阪大・院生命)
- 【P2-25】 哺乳類特異的形質をもたらしたSINE の検索とその機能解析 ○小林 直樹1、 西原 秀典1、 岡田 典弘1 (1東工大・院生命)
- 【P2-26】 ツメガエルのトランスポゾンT2-MITEファミリーを動かす転移酵素群の進化 ○彦坂暁、河原明 (広島大・院総合科学)
- 【P2-27】 ヒト特異的Cytochrome P450 (CYP)偽遺伝子の分子進化 ○川嶋彩夏、颯田葉子 (総研大・先導研)
- 【P2-28】 ヒトの化学物質に対する防御システム構築過程の解明 –霊長類CYP2Dサブファミリーの分子進化– ○安河内彦輝1、颯田葉子2 (1総研大・先導研、2総研大・教授)
- 【P2-29】 精子形成と神経突起生成に関与するVCX/VCY遺伝子ファミリーは霊長類において急速に進化した。 岩瀬峰代1、金慧琳2、颯田葉子1,3、高畑尚之4 (1総研大・学融合推進センター、2ペンシルベニア州立大、3総研大・先導研、4総研大)
- 【P2-30】 X-familyDNAポリメラーゼの新たな分類、および分化の考察 ○小寺啓文、武内亮1、内山幸伸1、美和秀胤2、菅原二三男1、坂口謙吾1 (1東理大・院理工 2Dep.of BES Univ.of Helsinki)
- 【P2-31】 ホタル発光パターンとnos遺伝子の発現 ○大槻朝1、横山潤2、大場信義3、近江谷克裕4、河田雅圭1 (1東北大・生命科学、2山形大・理、3大場蛭研究所、4北大・医)
- 【P2-32】 棘皮動物ニッポンウミシダのHoxクラスター構造の解析 ○近藤真理子1、鶴ヶ谷柊子1、住吉範子1、生田哲朗2、大田竜也3、池尾一穂4、西駕秀俊2、赤坂甲治1 (1東大・院理・臨海、2首都大・院理工・生命科学、3総研大・先導科学、4遺伝研・遺伝情報分析)
- 【P2-33】 マイクロアレイを用いたショウジョウバエ嗅覚・味覚受容体遺伝子群の進化的研究 ○工藤絵里1、中村菜央1、小倉淳2、近藤るみ1 (1お茶大・院・人間文化創成科学研究科、2お茶大・アカデミックプロダクション)
- 【P2-34】 遺伝子重複により生じたショウジョウバエの匂い物質結合蛋白質OBP57dおよびOBP57eの機能分化 ○中川淳、原田枝里子、相垣敏郎、松尾隆嗣 (首都大・院理工)
- 【P2-35】 硬骨魚類特異的ゲノム重複に伴うOMP遺伝子の重複と機能分化 ○鈴木彦有1、二階堂雅人1、山岸公子2、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工、2都臨床研)
- 【P2-36】 タンガニカ湖産シクリッド・トロフェイニ族のV1R1遺伝子における正の淘汰 ○大田朋槻1、二階堂雅人1、山岸公子2、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工、2東京都臨床医学研究所)
- 【P2-37】 東アフリカ産シクリッドにおけるV1R6嗅覚受容体遺伝子の多型状態の解析 ○齋藤曜平1、二階堂雅人1、大田朋槻1、山岸公子2、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工学研究所、2東京都臨床医学研究所)
- 【P2-38】 シクリッド集団中における長期間の多型維持とその後の分断選択 ○二階堂雅人1、平田直1、齋藤曜平1、相原光人1、溝入真治1、Semvua l. Mzighani1、2、山岸公子3、岡田典弘1 (1東工大・院生命、2タンザニア水産研究所、3都臨床研)
- 【P2-39】 チンパンジー亜種間における苦味受容体遺伝子配列の比較解析 ○早川卓志1、菅原亨1、郷康広1、鶴殿俊史2、平井啓久1、今井啓雄1 (1京大・霊長研、2チンパンジー・サンクチュアリ・宇土)
- 【P2-40】 孵化酵素と卵膜の分子共進化：Fundulusとメダカ間における種特異的な卵膜分解 ○川口真理1,2・安増茂樹3・西田睦1 (1東大・大気海洋研、2学振PD、3上智大・理工・物質生命)
- 【P2-41】 染色体水平移動-植物病原糸状菌の進化と分化の分子機構- ○赤木靖典1、柘植尚志2、児玉基一朗1 (1鳥大・農、2名大院・生農)

- 【P2-42】 アカショウジョウバエの Neo-X、Neo-Y 染色体における DNA の分子進化 ○里村和浩、田村浩一郎（首都大・院理工）
- 【P2-43】 カメ目における性染色体連鎖遺伝子群の同定と性染色体の進化過程の推定 ○川越大輝1,2、西田千鶴子3、松田洋一1（1名大・院生命農学、2北大・院生命科学、3北大・理）
- 【P2-44】 cDNAマッピングとGC3含量にもとづくヘビゲノムにおけるモザイク構造の推定 ○松原和純1、工樂樹洋2、樽井寛3、西村理3、西田千鶴子4、阿形清和5、松田洋一6、熊澤慶伯1（1名市大・院システム自然科学、2Dep. Biol., Univ. Konstanz、3理研・CDB、4北大・院理、5京大・院理、6名大・院生命農学）
- 【P2-45】 演題取り消し
- 【P2-46】 フグにおける形態多様化の遺伝的背景：種間交配を利用したゲノムワイド連鎖解析 甲斐渉1, 2、細谷将1、○菊池潔1, 3、黒柳美和1, 3、合田知樹1、野澤碧1、末武弘章4、鈴木讓1（1東大・水実、2水研セ・養殖研、3BRAIN、4福井県大・海洋生物）
- 【P2-47】 キイロショウジョウバエにおける新規高温耐性QTL領域の発見：ゲノムワイド欠失マッピングによるアプローチ ○高橋一男1、岡田泰和2、寺村皓平2（1岡山大・異分野融合コア、2岡山大・院環境）
- 【P2-48】 ショウジョウバエゲノム配列データを用いたheterotachyの検証 ○小川佳孝、田村浩一郎（首都大・院理工）
- 【P2-49】 真核生物のタンパク質コード遺伝子における高度保存塩基配列の解析 ○鈴木留美子1,2、斎藤成也1,2（1遺伝研、2総研大）
- 【P2-50】 左右相称動物間で進化的に保存されたmiRNAとその標的遺伝子の予測と実験的検証 ○高根香織1,2、藤島皓介1、渡邊由香1,2、佐藤朝子1、斎藤信登1,2、富田勝1,2、金井昭夫1,2（1. 慶大・先端生命研 2. 慶大院・政策メディア、先端生命）
- 【P2-51】 新規情報的手法を用いたインフルエンザAウイルスゲノムの進化方向の予測 ○岩崎裕貴1、阿部貴志1、伊藤正恵1、和田健之介1、池村淑道1（1長浜バイオ大学）
- 【P2-52】 動物のミトコンドリアDNAにおける転位と転換の比率 ○佐藤允治1、繪幡愛子2、北野 誉2（1茨大・院理工、2茨大・工）
- 【P2-53】 細菌ゲノムにおける水平伝播したオペロンの検出 ○野口恵1、森宙史1、丸山史人1、黒川顕1（1東工大・院生命理工）
- 【P2-54】 2回のゲノム重複によって生じたパラログスなゲノム領域の同定 ○松波雅俊1・2、斎藤成也1・2（1総研大・遺伝学、2遺伝研・集団遺伝）
- 【P2-55】 遺伝子重複による蛋白質間相互作用ネットワークの進化 ○長谷武志1,2、田中博2、新村芳人2（1理研PSC・特別研究員、2東京医科歯科大・生命情報学）
- 【P2-56】 隠蔽変異を介した表現型多様性創出における選択圧の影響：遺伝子制御ネットワークの個体ベースモデル ○岩寄航、津田真樹、河田雅圭（東北大・院生命）
- 【P2-57】 プランクトンの逆理への進化的解答 ○水野晃子1、佐々木顕2（総研大・学融合、総研大・学融合）
- 【P2-58】 転写因子結合部位の塩基配列から予測する発現量変化 ○佐藤光彦、牧野能士、大野ゆかり、岩寄航、河田雅圭（東北大・院生命）
- 【P2-59】 エピスタシス効果が遺伝子発現ネットワークにおけるモジュールの進化を促す ○池本有助1、三浦徹2、浅間一3（1富山大学、2北海道大学、3東京大学）
- 【P2-60】 サブネットの進化と選択 ○大澤智興（九工大・院情・生命情報）
- 【P2-61】 二重格子空間上の相利共生の進化動態 ○江副日出夫1、池川雄亮1（1大阪府大・院理）
- 【P2-62】 投資の制約が母親の性配分戦略に与える影響 川津一隆（京大院・農・昆虫生態）
- 【P2-63】 野生の雌グッピーが産む子の数・性比と子の形質の関係～調査時期による揺らぎ ○佐藤綾1、狩野賢司1（1東京学芸大学 連合学校教育）
- 【P2-64】 大集団志向と協力の進化 ○田村光平1、中川雄大2、井原泰雄1（1東大・院理、2東大・理・生物）

- 【P2-65】環境の厳しさが協力行動を進化させる？ ○成相有紀子1、守田智1、泰中啓一2、吉村仁2（1静大・院工、2静大・創造院）
- 【P2-66】生態系の融合時に絶滅を起こしやすい生態系の性質について ○吉田勝彦1、時田恵一郎2（1国立環境研・生物、2大阪大・サイバー）
- 【P2-67】蚊の免疫抑制による薬剤抵抗性の進化とマラリア感染抑制の評価モデル ○大野ゆかり1、後藤彰2、倉田祥一郎2、河田雅圭1（1東北大・生命科学、2東北大・薬）
- 【P2-68】周期ゼミの新種*Magiicada neotredecim*の起源における遺伝子浸透仮説の検証 ○梅村芳隆1、成相有紀子1、守田智1、泰中啓一2、吉村仁2（1静大・院工、2静大・創造院）
- 【P2-69】ハマカンゾウ、キスゲ間に存在する隔離要因に関する理論的研究 ○松本知高1、安元暁子2、新田梢2、廣田俊1、矢原徹一2、舘田英典2（1九大・シス生、2九大・院理）
- 【P2-70】植物形態の不連続な進化；葉と葉の角度の決まり方を数理モデルから考える ○北沢美帆、藤本仰一（阪大・院理）
- 【P2-71】二足歩行の目的を「蹴るため」としての人類史考察 ○佐久間昌巳（会社役員）

ジュニア進化学、高校生ポスター発表

高校生ポスター発表: HP 8月3日(火) 15:30 ~ 18:00

8月3日 15:30から発表時間となります。発表者はポスターの前にたち17:00まで発表をお願いします。

- 【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-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-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-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-6】ブラシナゾ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、赤石譲二、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-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、赤石譲二、西塚真、山田大地(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)
- 【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、西館香織、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)
- 【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)

要旨

公開講演会、シンポジウム

公開講演会: OL

【OL-1】 シーラカンスが日本に来るまで

岡田典弘（東工大・院生命理工）

初めてタンザニアを訪れたのは2004年の8月の末である。当時私は文科省科研費特定領域研究「種形成の分子機構」の領域代表者を務めていて、タンザニアのビクトリア湖のシクリッドの種形成機構を明らかにしたいと思っていたのである。タンザニア水産学研究所の当時の所長さんであるブワソンジ博士と共同研究の締結をして、その後の雑談の時に、一年前からシーラカンスがタンザニア沖で取れるのだが、興味が有るか？と聞かれたのである。興味が有るも何も無い、シーラカンスと言えばどのような生物学者も興味を持つ垂涎の動物である。もちろん興味は有ると答えたものの、その後1-2ヶ月のうちに彼から、シーラカンス一匹を進呈しようと言うメールが届くなどと言うことが起こる事は全く予想していなかったのである。ここではどのようにして5匹ものシーラカンスが東工大に来る様になったのかの経緯を述べる。

【OL-2】 日本人漢民族説と日本国家の誕生

丸山茂徳（東京工業大学）

<目的>日本人の起源と古代国家成立までの歴史を探る

<手法>①気候変動過去3000年、②鉱床（金、銀、銅、水銀、鉄）、③造船・航海技術、④人口動態、⑤渡来人の起源と役割、⑥古文書、⑦古代人骨とDNA、⑧遺跡（副葬品）、⑨地名の起源、⑩日本語のルーツに基づき、3000年から1000年前までの古代史を復元する。

<結果>世界史は気候変動に支配されてきた。文明の興隆は資源、取分け鉄の鉱床が大きな役割を担った。過去3000年間で最大規模の寒冷化が2800年前におき、それが黄河下流の周帝国を滅ぼし、民族の玉突き移動が始まり、長江下流に住んでいた稲作農耕民であった呉人の北九州への移動の原因となった。以降、周期的に起きた寒冷化が漢民族の移動（4-5世紀の寒冷化は漢民族100万人が長江下流に集団移住した）を起こした。長江流域で船の輸送技術を発展させていた呉人が東シナ海に押し出され、長安の文明、朝鮮半島の膨大な鉄資源、日本列島の金、銀、銅、水銀（朱）鉱床、長江下流の膨大な食糧を輸送する黄海文明圏を造った。その中心に居たのが倭寇ある。やがて渡来人は中国文明圏への復帰を断念し、方針を変更し、本州東部へ政権を拡大した。

【OL-3】 恐竜における性的淘汰圧を考える

平山廉（早稲田大・国教）

恐竜には、赤ん坊から成体まで多数の骨格が知られている種類もあるが、これまで性的二型の証拠が確認された例はない。これは、現生鳥類と同様に、恐竜の性的二型は骨学的には発達していなかった可能性が高い。

角竜類の角や、ハドロサウルス類のトサカなど個体成長に伴って発達する特徴は、恐竜において普通に見られるが、これは現在の哺乳類などにも見られる二次的性徴であった可能性が考えられる。角竜類の角などには、大型の種類ほど角の発達が著しくなるという明瞭な傾向が認められる。これは哺乳類の偶蹄目シカ科などとも共通する特徴であり、角竜類の角が捕食者に対する防御的な幸造というより、同種内における性的ディスプレイとして機能していたことを強く示唆する。竜脚類の長大な首には、やはり個体成長に伴って伸張する傾向が認められる。また、大型の種類ほど首の長さも著しくなる傾向も認められる。このような事例は、竜脚類の首が二次的性徴の機能を担って長大化した可能性をうかがわせる。

以上のように、恐竜に見られる顕著な特徴の多くが、同種内における性的淘汰圧の結果として発達した可能性は注目すべきものである。

【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

○戒崎俊一（理化学研究所・基幹研究所）

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ある。宇宙線降下量はエネルギーフラックス量としては太陽放射に比べて無視できるが、電離過程を通して大気中と地下の臨界現象を制御している可能性がある。例えば、Svensmark& Friis-Christensen (1997) は、銀河宇宙線による大気中のイオンが雲核形成を促進して雲被覆率を変え、全球的な寒冷化を引き起こす可能性を指摘している。宇宙線の降下量は、天の川銀河の星形成活動度、太陽系の位置、太陽の磁気活動度、地磁気の強さなどによって変動する。特に、太陽系から半径30パーセク以内で超新星爆発が発生すると、その爆風が太陽系に到達したときに、宇宙線降下量が現在の値の百倍から千倍に増加し、それが一万年程度継続する。その頻度は10億年に一回程度で、46億年の地球史では無視できない。このような宇宙線降下量の増加は、雲の被覆率を増加させるとともに、含水マグマを刺激して火山噴火を引き起こし、全球凍結へのトリガとなったかもしれない。また、生物においては、遺伝子の重複やゲノムの倍化を進めてその進化を加速し、爆発的進化をトリガした可能性がある。

シンポジウム: S1

【S1-1】 新しい生命進化論；概観

丸山茂徳、岡田典弘（東京工業大学）

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きた。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きたはずである。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ある。

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個を越えている）、及び4) 生きている生物の研究からみた生命進化、の4分野の研究最前線のレビューを中心にした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となることを期待する。

【S1-2】 太陽系の構造と起源

小久保英一郎（国立天文台）

水金地火木土天海と親しみ覚えられている太陽系はどのようにして誕生したのだろうか。太陽系の惑星は3種類に分類される。地球のような岩石と鉄でできた地球型惑星(水星、金星、地球、火星)、木星のようなガスでできた木星型惑星(木星、土星)、天王星のような氷でできた天王星型惑星(天王星、海王星)。これらの種類の違う惑星はどのようにして形成されたのだろうか。現在の標準的なシナリオでは、惑星系は原始惑星系(太陽系)円盤とよばれるガスとちり(ダスト)からなる恒星まわりの円盤から形成される、と考えられている。原始太陽系円盤からの太陽系形成は、微惑星形成、原始惑星形成、惑星形成の3段階からなっている。本講演では、まず太陽系とはどのような系であるかをまとめ、それから太陽系形成の各段階について詳しく見ていく。そして、どのようにして地球型惑星、木星型惑星、天王星型惑星と並ぶ美しい太陽系が形成されるのかを紹介する。

【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¹ (¹東工大・院理)

大気・海洋の物理化学環境は約46億年の地球史を通して変化し、生命進化と密接に関わったと考えられる。特に大気の酸素分圧は太古代/原生代境界(25億年前)ころを境に上昇した。この大気海洋の酸化事変の実体は近年種々の地球化学的証拠が蓄積されるにつれ、その詳細が明らかになりつつある。なかでも大気で特異的に起る安定同位体比の分別が地層に記録されることを利用して古大気組成を推定する手法が発展した。一方、微化石の記録に基づく太古代は原核生物のみの時代であったが、原生代に入ると真核生物が出現する。これら化石記録も太古代/原生代境界の酸化事変と調和的である。酸素分圧上昇の原因のひとつは酸素発生型光合成の登場であろう。しかし、その出現時期は特定されておらず、大陸成長に伴う炭素循環の変化や水素散逸なども大気酸化事変の要因として無視できない。また大気酸化事変に伴って酸素以外の大気組成も大きく変化したはずである。特にCO₂,CH₄,COS,NH₃,N₂Oなど温室効果気体の分圧は気候変動にとって重要であり、その生成消滅過程に当時の微生物活動が果たした役割は大きい。講演ではその議論のもととなる地質記録について概説する。

シンポジウム: S2

【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・総合文化）

原生代末マリノアン全球凍結からカンブリア紀初期は、生命進化の最大の転換点である。一部の後生動物は全球凍結直後に出現し、カンブリア紀初期には現生のほぼ全ての動物門が出揃う。私たちはその原因を探求する為に、南中国で掘削を行い、後の変質の影響の少ない完全連続掘削試料の多元素・多同位体分析を行なった。その結果、動物出現の直前に海洋栄養塩濃度（特にリン）が上昇したことが分かり、それが動物出現のトリガーであることを実証した。また、その上昇が生物活動を活発化させ、結果として酸素濃度も増加させたことが分かった。一方、カンブリア紀初期になると海洋の酸素の増加とともにリン濃度は減少し、硝酸やCa濃度が増加したことが分かった。海洋リン濃度の減少と硝酸濃度の上昇はRedfield数(N/P比)の上昇を招く。結果、N/P比の高い有機物質が海洋中に溶存し、豊富な筋組織やタンパク質を持ち、高いN/P比を有する動物の爆発的増加を引き起こした。多細胞動物出現からカンブリア大爆発までの進化を遺伝子レベル変異(例えばMiyata et al., 1994)、出現(特にPの高栄養塩海水)と大爆発(高N/P比・Ca濃度海水)の3段階としてとらえることを提唱する。

【S2-2】 多細胞動物進化・初期の謎

大野照文（京大・総合博物館）

プレカンブリア代末のエディアカラ化石生物群には1mを超えるものもあり、多細胞動物の祖先との解釈もあるが、現生の多細胞動物とは相入れない形態のものが多く確実ではない。同時代に、生痕化石、卵割や三胚葉性を示す多細胞動物化石が見つかるが、多様性も大きさも貧弱である。

カンブリア紀の始まりとともに、多細胞動物の多様なグループが爆発的に出現する。地層中深くに潜る生痕化石、スモール・シェリー・フォッシルス（動物の体表面を覆っていた小さなトゲや鱗が、死後バラバラになって保存された化石）、そして側生動物、前口動物（冠輪動物+脱皮動物）、後口動物など現生の主要な分類群の代表が全てそろったチェンジャンやバージェス化石生物群などである。

一方、多細胞動物出現以前の20億年前～10億年前の時代は、環境変動も生物進化も停滞した時期だったらしいことが知られてきて「退屈な10億年」と呼ばれている。そして真核生物ですら、この「退屈な10億年」が終わってやっと出現したと考える研究者間でも存在する。多細胞動物の出現事件の理解には、この停滞期と、その後の雪玉地球などの環境激変（その原因は宇宙にあるかもしれない）総合的な研究が必要である。

【S2-3】 ゲノムからメタゲノムへ

○黒川頭（東工大・院生命理工）

細菌はヒトの口腔内、腸内、皮膚などに存在するだけでなく、河川、海洋、土壌など地球環境の至るところに存在することから、生命を含めた地球環境の根幹を形成していると言っても過言ではない。環境中の細菌は極めて多様であり、これら細菌のもつ多様かつ膨大な遺伝子群で満たされている環境は、巨大な遺伝子プールととらえることができよう。この環境中の遺伝子プールを解析する極めて有効な手段のひとつが、細菌叢を培養に依存することなくまるごとゲノム解析する「メタゲノム解析」である。

454やSolexa, SOLiDに代表される新型シーケンサーが登場し、いよいよメタゲノム解析により環境中の遺伝子プールを悉皆的に解析可能な時代となった。すでに鉱山排水、海水、土壌、活性汚泥、大気など様々な環境においてメタゲノム解析が行われ、環境中の細菌群集の理解の基盤となる、種および遺伝子のリストを記述することを目的とした解析は一定の成果を挙げている。さらに、腸内や皮膚などヒトの共生細菌叢を解析するヒトメタゲノムプロジェクトも実施されており、すでに成果を挙げつつある。

本講演では、メタゲノム解析の可能性を実例を挙げながら解説する。

シンポジウム: S3

【S3-1】 Top ten hypotheses of Evolutionism and a new Hypothesis on Nature of Cambrian Explosion
Degan Shu (西北大学・教授)

This talk presents brief comments to the Top-Ten hypotheses of Evolutionism, and proposes a new hypothesis on the nature of Cambrian Explosion based on the significant advance in recent investigations of the Chengjiang fauna. The new hypothesis of Three-episode Cambrian Explosion could provide a better understanding to the three-episode-Formation of early Animal-Tree than the previous hypotheses, i.e. the non-explosion-hypothesis by C. Darwin, single-episode-hypothesis by S. Gould and two-episode-hypothesis by R. Fortey.

【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、マリンゲノミクス・ユニット)

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。脊索動物はまた、ギボシムシなどの半索動物、ウニやヒトデなどの棘皮動物とともに新口動物を形成する。脊索動物の起源と進化については150年以上にわたってさまざまな議論がなされてきたが、ようやく最近になって、ホヤやナメクジウオのゲノム解読をもとにした研究から、頭索動物が脊索動物の祖先的動物に最も近く、そこから尾索動物と脊椎動物が独自に進化してきたという考えが受け入れられようになった。この進化シナリオは、自由生活性の脊索動物祖先を支持する。

脊索は、脊索動物の名がそこから由来するように、脊索動物を特徴づける最も重要な形質である。脊索は脊椎動物の胚発生において体軸の形成に重要な役割を担うが、進化学的にみた本来の機能はオタマジャクシ型の脊索動物の体の尾の支持器官と考えられる。言い換えれば、オタマジャクシ型体制の進化こそが脊索動物の起源をもたらした最も重要な発生的イベントであると私は考えている。では、脊索はどのようにして生まれてきたのであろうか。脊索形成に関わる幾つかの遺伝子の中で、T-box転写因子遺伝子の一つであるBrachyuryが脊索形成の鍵をにぎる。しかし、この遺伝子は脊索をもたない動物にも存在し、多くの動物の発生において原腸の陥入に関わることが示されている。ここでは、どのようにしてBrachyuryが脊索を生み出していったのかという仮説を提示し議論する。

【S3-3】 Phylogenomic Reconstruction of the Tree of Life
○長谷川政美¹、米澤隆弘¹ (¹復旦大・生命)

地球上のあらゆる種は1つの系統樹"Tree of Life"の上のどこかに位置づけられるという仮説は、ダーウィンやヘッケル以来多くの状況証拠によって支えられてきたが、未だに決定的な証拠はない。最近Theobald(2010, Nature)は、形式的な統計テストでこの仮説を"証明"したが、本講演ではまずTheobaldの統計テストを紹介し、さらにこの問題の難しさを議論する。近年多くの生物種でゲノムデータが得られるようになり、ゲノムスケールの大量データを用いた系統樹推定、つまりPhylogenomicsが盛んになってきた。Tree of Lifeにおけるいくつかの重要な分岐について、Phylogenomicsの成果を紹介し、方法論的な問題点を議論する。

シンポジウム: S4

【S4-1】 植物の系統と発生進化

長谷部光泰（基礎生物学研究所、JST、総研大）

この20年間で、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た。また、シロイヌナズナやイネなどを用いた分子発生学の進展によって、これらの植物の形態形成の分子機構もわかり、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も可能となった。そして、発生進化学の進展に伴い、実際にどのような分子機構が形態進化に関わってきたのかが実証されてきた。

Gifford and Foster著「Morphology and Evolution of Vascular Plants（邦訳あり）」と熊沢正夫著「植物器官学」は前世紀までの植物形態進化研究を集大成した古典である。これらの大著のどのくらいの問題が解け、何が問題として残されているのだろうか。メンデルやマックリントックらの先達は、植物を用いて遺伝の法則やトランスポゾンなど、進化学はもとより生物学全般に関わる発見をしてきた。では、今日、解くべき問題点はどこにあるのだろうか。既存の知見ではうまく説明できない植物を紹介しつつ、今後の植物進化学を展望する。

【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（国立遺伝学研究所）

ゲノム情報を用いて生物の共通性と多様性を理解しようとするとき、対象とする生物種のゲノム上に存在するすべての遺伝子をセットとして比較することによって、遺伝子の「ある・なし」を同定して、それらの形態的特徴などの共通性や相違を検討するのが、最も一般的なアプローチであろう。その際、たとえば神経系に特異的に発現する遺伝子セットに注目して比較すれば、より踏み込んだ形で生体システムの共通性と多様性が、遺伝子セットのレベルで検討できることになる。本講演では、そのような立場で、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た私たちの研究を例として紹介する。その結果、神経系にみる生物種間の共通性と多様性を遺伝子の機能的特徴に関連して議論できることを示す。このような方法論は、他の生体システムにも応用可能で幅広い有用性を持つことを指摘する。

【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（東京工業大学）

生命史46億年の中で起きた重大な生命進化の節目は、1）生命の誕生に加えて、2）真核生物の誕生（21億年前）と、3）多細胞大型生物（動物）誕生（約5.4億年前）である。2）と3）の時代に約2億年先行して全球凍結の時代があったことがわかってきた。全球凍結の期間は約2億年の長期間に及んでいる。ただし、完全凍結ではなく数回の氷期と間氷期を繰り返し、その中で全球凍結の時代があったらしい。

全球凍結の原因について、これまで温暖化ガスの量的な欠乏と見なされてきたが、実はそれを支持する証拠がない。本講演において、天の川銀河で起きたスターバーストが全球凍結とゲノムの変異速度の急増を起こしたこと、更にその後環境の回復が起き、進化の化学的条件が整うと生物の爆発的進化が起きた。これがカンブリア紀の生物の爆発的進化の実態であるとする新説を提案する。21億年まえも基本的には同様なシナリオが想定される。地球に照射された大量の宇宙線が雲の増加の原因となり、全球凍結を引き起こしたと推測される。宇宙線の急増はゲノムの進化速度を加速した。

シンポジウム: S5

【S5-1】 大量絶滅研究：新たな挑戦

○磯崎行雄（東大・院総合）

極めて短時間に、世界中の多様な環境で生物が絶滅することを大量絶滅とよぶ。この言葉は私達生物にとって否定的な響きを持つが、もし過去の多様な生物が絶滅をまぬがれ、今も生存していたなら、人類の現在の繁栄はなかっただろう。過去の大量絶滅事件は、多様な生物分類群を根絶やしにする一方で、その後新しい種類を生み出した。その原因が巨大隕石衝突であれ、マントル・ブルームの活動であれ、過去の記録を見る限り、地表の環境劣化の原因は永続せず、環境回復後には生き延びた分類群が急速に分化・放散し、新しい種の多様化が絶滅の後におきた。大量絶滅は、既存生物の消滅と同時に、進化の次の段階を促す役割を担うらしい。

古生代・中生代境界（2.5億年前）でおきた史上最大規模の大量絶滅については、巨大隕石衝突の可能性が否定され、絶滅をおこしたグローバル環境変化の主原因は地球内に求められてきた。しかし、銀河宇宙線と太陽・地球磁気圏の相互作用が地球表面層温度を支配するとみる宇宙気象学が現れた。古生代・中生代境界絶滅事件についても、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な決定要素となったと考えられる。

【S5-2】 危機から生まれた哺乳類

岡田典弘（東工大、生命理工）

2億5千万年前のP-Tの境界では、90%以上の種が失われた大絶滅があった。この大絶滅の前後から大気中の酸素濃度が低下し、その超酸素欠乏状態は二千万年間の持続する。一方、爬虫類と哺乳類は3億1千万年前に分岐したが、かろうじて生き延びた哺乳類や爬虫類の祖先はこの厳しい環境を生き延びる為の適応を強いられた。特に我々哺乳類の祖先は、低酸素状態により良く適応した爬虫類の祖先に昼の世界を奪われたため、夜行性として生きることに対する適応をも強いられたと考えられる。

このような状況にあって我々祖先のゲノム中では何が起こったのであろうか？最近我々は哺乳動物間で配列の保存されている新しいレトロポゾン(SINE)を発見した。言い換えると、2億5千万年前、哺乳類の共通祖先でこのSINEが機能を持ち、哺乳類特異的な形質を作り上げる遺伝子発現に関与するようになったためこのSINE配列が保存されているのだと考えられる。あるSINE座位は視床の体性感覚野であるバレロイドのパターニングに関与するということが示された。これは危機に直面した哺乳類が外適応を行い、SINEに新たなエンハンサー機能を獲得させた為と考えられる。

【S5-3】 RECENT ADVANCES IN RESEARCH ON AVIAN ORIGINS

Xing Xu (Institute of Vertebrate Paleontology & Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences)

The last two decades have witnessed great advances in research on avian origins. These advances were made by conducting more comprehensive phylogenetic analyses, by discovering new specimens of both non-avian dinosaurs and basal birds that provided significant osteological and even behavioral information, and by analyzing bone and eggshell microstructure to infer growth strategy and physiology in non-avian dinosaurs and early birds and even recover molecular information. Here I highlight three issues that are often considered to raise problems for the theropod hypothesis of avian origins: 1) the question of how feathers and flight could have evolved in dinosaurs; 2) the 'temporal paradox' in the stratigraphic distribution of theropod fossils; and 3) supposed homological incongruities. Significant advances have been made recently towards resolving each of these issues. Discoveries of non-avian dinosaur specimens preserving soft tissues have demonstrated that a variety of feather morphotypes occurred among non-avian dinosaurs before the origin of Aves and that feathers may represent a defining feature for Dinosauria or an even more inclusive group; discoveries of various Jurassic non-avian maniraptoran theropods have greatly improved the congruence between stratigraphy and phylogeny for derived theropods; and, finally, significant new information recovered from both newly and previously collected theropod specimens suggests that apparent conflicts between paleontological and neontological data concerning the homologies of some important structures are non-existent, and that some structures including manual digits probably underwent developmentally and functionally complex transformations during the transition to birds.

シンポジウム: S6

【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・院システム自然科学）

爬虫類は大陸分裂が活発に行なわれた中生代において繁栄し適応放散を遂げたグループであり、爬虫類の進化は大陸移動と密接な関係を持つと考えられる。我々は爬虫類（主に有鱗類）の様々なグループの代表種について、分子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、爬虫類の歴史生物地理について検討を重ねてきた。その結果、1) トカゲ類の科間の分岐の大部分はジュラ紀以前にさかのぼり、白亜紀以降の大規模な大陸分裂との関連性は薄いこと、2) 一方、真蛇類の科間の分岐は新生代の比較的新しい時代に起きたこと、3) 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、4) アクロント類（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、などの知見が得られた。これらの結果と他の研究者によって報告された成果とを併せ、大陸移動と爬虫類の進化との関連性について考察したい。

【S6-2】 大陸移動と哺乳類の進化

○西原秀典¹、丸山茂徳²、岡田典弘¹（¹東工大・院生命理工、²東工大・院理工）

生物の進化は地球環境変動の影響を大いに受けてきたと考えられる。例えば陸上動物の場合、その系統進化が大陸の分断・融合の歴史と密接に関わっていることを示す研究例が少なくない。本講演では哺乳類の系統関係と大陸分断との関連性について、近年の我々の研究を例に挙げながら議論する。哺乳類の中でも胎盤を持つ有胎盤類は、3つのグループに大別される。すなわちアフリカ大陸を起源とするアフリカ獣類、南米大陸を起源とする貧歯類、そして北半球のローラシア大陸を起源とする北方獣類である。我々はレトロポゾンと呼ばれる散在性反復配列の挿入パターンを全ゲノムスケールで比較し、この3グループがごく短期間に分岐したことを明らかにした。さらに最近の地質学的証拠により、超大陸からローラシア大陸、アフリカ大陸、南米大陸への分断がこれまで考えられてきたよりも短い期間に起こった可能性が浮上した。このことは有胎盤類の分岐に超大陸の分裂が関与した可能性を示唆するものである。

【S6-3】 人類の進化と文明史

馬場悠男（科博・名誉研究員）

最初的人类は、およそ700万年前にアフリカの森で誕生した。人類は、その後の進化の過程で、厳しい環境に適応する工夫をしてきた。初めは身体の構造を変え、湿った暖かい森林から乾いた熱暑の草原へ進出した。やがて、ホモ属の人類に進化すると、石器を使い、アフリカからユーラシアへ分布を広げた。ホモ・サピエンスになってからは、寒いツンドラを越え、海を渡り、世界中に住むことができるようになった。

およそ1万年前以降、世界各地で農業が始まり、多くの地域文明が繁栄した。しかし、多くの文明は、環境破壊と資源枯渇により、最終的に崩壊を迎えた。しかも、崩壊に至るまで、その運命に気が付かなかった。ただし、文明は地域的であり、また、新しい技術革新もあって、文明のいくつかは復活することができた。しかし、現在では、地球規模で人口が爆発的に増加している。数十年あるいは100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は間違いない。それを避けるには、日本が世界に先駆けて「文明縮小」のロードマップを掲げ、実践するべきだろう。私たちは、縄文時代や江戸時代に自然共存的・自給的生活をした経験を生かすことができるはずだ。

【S6-4】 系外惑星学の新展開：スーパー地球

○生駒大洋（東工大・院理）

1995年に太陽以外の恒星をまわる惑星（系外惑星）が初めて発見された。それから15年が経ち、今では450個以上の系外惑星サンプルを我々は手にしている。それによって、統計的な観点で、惑星および惑星系の起源や進化を議論できるようになり、太陽系形成論の一般化が大幅に進んだ。観測技術的な制約から、検出可能な系外惑星は、最近までは木星や土星のような質量にして地球の数10から数100倍ある巨大ガス惑星に限られてきた。しかし、宇宙望遠鏡の稼働などここ2、3年の飛躍的な観測技術の進展によって、いよいよ質量にして地球の数倍程度の惑星が検出されるようになった。こうした系外惑星を「スーパー地球」という。本講演では、こうした系外惑星学の現状をオーバービューし、スーパー地球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する。

シンポジウム: S7

【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¹, 上野雄一郎¹, 生駒大洋¹ (¹東工大・院理工)

太陽に似た恒星の周りを回る惑星が最初に発見されてから15年がたち、これまでに400個以上の系外惑星が見つまっているが、いまのところはまだ、質量や組成、中心星からの距離などが地球と似たような惑星は見つかっていない。しかし当然、そのような惑星の発見は時間の問題であろう。

地球のような系外惑星、すなわち、質量が地球程度で岩石や金属を主成分とし、固体表面とその上に大気を持つ惑星は、地球自身を知る上でも重要な研究対象である。地球型系外惑星の大気がどのような組成を持ち、どのような状態にあり、そしてそれを外部から観測したときどのように見えるのかを検討することは、発見のための戦略を練るためや、来るべき発見の時、さらにはその後の研究の進展のために必須である。

私たちはまず、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、次にそれを外部から観測したときにそれがどのように見え、どのような情報が得られるかを検討した。それらにもとづき、将来の観測技術の発展を考慮しつつ、今後開かれる新しい研究分野について議論したい。

【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・院理)

「我々の太陽系以外に惑星は存在するのか?」。これは人類が有史以来抱き続けてきた哲学的ともいえる大問題でした。しかし今からわずか15年前の1995年、初めての太陽系外惑星が発見されたことによって、いまこの問題は天文学にとどまらず現代科学の最前線で多くの研究者を魅了しています。今までの研究の進展を考えれば、地球型惑星が発見され、さらにそれらのなかで中心の恒星から程よい距離にある居住型惑星が発見されることはもはや時間の問題だといえます。とすればいよいよ究極の疑問「地球外生命は存在するか?」に、科学的にアプローチすることが可能になるでしょう。例えば、系外惑星の大気を観測してそこに酸素の兆候を検出できれば、そこに生命が存在している可能性が高くなります。このような観測的指標はバイオマーカーと呼ばれ、より優れたバイオマーカーの同定が精力的に研究されつつあります。さらにユニークな例を一つ紹介しましょう。地上の植物の葉っぱはほとんど緑色です。これは可視域での緑の前後に存在する葉緑素の吸収帯のためですが、実は目では見えない近赤外線領域ではほとんどの光を反射してしまうことが知られています。仮に我々が近赤外線域で目が見えたとしたら、葉っぱは緑どころか真っ赤なのです。では我々の地球を30光年先において観測するとどのような色に見えるのでしょうか? 我々が現在とり組んでいる研究を紹介しながら、今後を展望したいと思います。

【S7-3】 総合討論

丸山茂徳 (東京工業大学)

総合討論では、(1) 地球生命史の解読の現状を復習し、次に、そのような生命史を生み出した(2) 環境要因(生物界が作り出した内的要因と外的要因を分離)を整理する。その中で、宇宙や太陽活動の影響を取り上げ、現在急速に進行中の深宇宙の観測データと比較対照し、生命進化における宇宙の役割を理解する。(3) ゲノム解読研究と古生代/中生代境界の古環境解読研究などを例に取り上げ、次の研究課題を議論し、次世代型学際的研究を模索する。(4) 圧倒的にデータが充実している地球生物学から生命進化の一般的な性質を取り上げて、宇宙や系外惑星、更に、惑星形成理論を組み合わせて、宇宙生物学を構築する方策を議論したい。温度と圧力に下限はあるが上限はない。そのP-T図の中に占める液体の安定領域は極めて狭い。その狭い領域が生命進化の場である。この領域を地球史の時間にわたり、安定な状態で保つ条件が必要である。その条件を議論し、系外惑星探査の研究や、太陽系生物の探査に向けた発展的討論の場としたい。最後に21世紀の人類の問題を取り上げる。

国際ワークショップ

国際ワークショップ: IWS1

Evolving shapes and development - viewed from changes in gene regulations: Part 1

企画要旨 : Morphological evolution can be regarded as modifications of developmental programs.

Recent studies revealed that such alterations can be caused by temporal, spatial modifications or co-options of gene regulatory networks. In this workshop, we will discuss on the importance of subtle changes in regulatory networks in the evolution of new patterns, and underscore the future of Evo-Devo research.

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

○Shigeru Kuratani (RIKEN, CDB, Kobe)

Evolutionary novelties refer to qualitatively new patterns acquired in evolution, not simply obtained through modification of ancestrally established patterns to adapt to new functions. In minor modifications for adaptations, basic patterns of embryonic development are conserved and morphological homologies are easy to establish through evolution (as the basic pattern of limbs in various vertebrates). In evolutionary novelties, which are based on spatiotemporal changes in developmental programs, however, ancestral developmental constraints can be lost together with the morphological homologies. Thus, heterotopy, or the evolutionary shift of developmental place, is central and key issue to understand the developmental origin of evolutionary novelties. By picking up acquisition of the vertebrate jaw and turtle shell, heterotopic shifts will be discussed as examples to show how the gene regulation can topographically shift upon embryonic mesenchymal tissues, and how homologies of genes and homologies of anatomical elements can be decoupled through evolution.

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

Takehiro G. Kusakabe (Department of Biology, Konan University)

One of the most prominent characteristics of the vertebrate head is the presence of well-developed and highly sophisticated sensory organs, such as the eyes, nose, and ears. Although invertebrate animals have sensory organs with similar functions, yet their homology to the vertebrate counterparts has been a subject of debate for many years. Another important vertebrate invention in the head is the hypothalamus-pituitary axis, a control center of the vertebrate endocrine system. These sensory organs and the pituitary gland develop from the embryonic structures called 'cranial placodes'. The placodes have often been considered a vertebrate innovation, but recent evidence suggests that placode-like structures are also present in tunicates, the closest living relatives of vertebrates. In this talk, the origin and evolution of the cranial sensory organs and pituitary will be discussed based on recent findings in basal chordates and protein families involved in these biological functions.

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

○Hiroshi Wada, Koryu Kin, Yoshihisa Kurita, Naoki Hashimoto (Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba)

During the molluscan evolution leading to the bivalves, the single dorsal shell was doubled. To elucidate the molecular developmental basis underlying this prominent morphological transition, we described the cell cleavage and expression patterns of three genes, brachyury, engrailed, and dpp in the Japanese spiny oyster *Saccostrea kegaki*, and examined the function of dpp in this species. The cleavage pattern of the *S. kegaki* embryo was nearly the same as the previously described pattern of other bivalve species, suggesting that the pattern itself is highly important for the establishment or the maintenance of the bivalve body plan. The expression pattern of a brachyury homolog in *S. kegaki* (SkBra) was similar to the pattern in gastropods even at the single cell level despite the deep divergence of gastropods and bivalves. Engrailed and dpp were previously found to be expressed around the shell anlagen in gastropods. Like that of gastropods, an engrailed homolog in *S. kegaki* (SkEn) was found to be expressed around the shell anlagen. However, the dpp homolog in *S. kegaki* (SkDpp) was expressed only in the cells along the dorsal midline. ZfBMP4 treatment experiments revealed the importance of dpp in establishing the characteristic shape of the bivalve shell anlagen.

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

○Yasuko Akiyama-Oda, Hiroki Oda (JT Biohistory Research Hall)

How the orthogonal body axes are established is one of the fundamental problems in animal development and evolution. In the spider *Achaearanea tepidariorum*, formation of the orthogonal axes occurs as a migration of a cell cluster expressing the evolutionarily conserved Dpp signal during early embryogenesis. The cell migration directly locates the dorsal-inducing Dpp signal to an asymmetric position and orients the dorsoventral axis orthogonal to the primary axis. Our recent study revealed that Hedgehog signaling regulates the cell migration. In the fly *Drosophila*, the orthogonality of the embryo can be traced back to migration of the oocyte nucleus during oogenesis. The asymmetric positioning of the oocyte nucleus, which associates with transcripts for a TGF α -like molecule, results in dorsal expression of dpp in the embryo through multiple complex steps. Thus, the timing, events and involved molecules to orthogonalize the dorsoventral axis against the primary axis are different even in the organisms in a phylum. We will show that the spider is a good model to study establishment of the secondary asymmetry based on the polarity of the primary axis.

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

○Yasuhiro Shiga (School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)

How novelties arise is a key question in evolutionary developmental biology. The carapace is a novelty of crustaceans that evolved by the early Cambrian. In an extant crustacean, *Daphnia magna*, the carapace grows from the body wall as a double-layered sheet-like outgrowth with specialized margin structures, features reminiscent of the insect wing. Here I show that the growing margin of the *Daphnia* carapace expresses vestigial, scalloped, and wingless, genes that play key roles in regulating growth at the insect wing margin, suggesting that carapace and wing share a common mechanism for margin outgrowth. However, the carapace and wing margins have a different orientation relative to the body axes, suggesting that these structures have independent origins. scalloped is also expressed at the margin of unrelated flat outgrowths in the distantly related crustacean *Parhyale hawaiiensis*. We propose that the vestigial-scalloped-wingless gene module had an ancient role in flat body outgrowths before the divergence of major crustacean lineages and the emergence of insects. Co-option of this module appears to have occurred independently in the carapace, wings and other flat outgrowths, facilitating the evolution of distinct novelties in different arthropod lineages.

【IWS1-6】 The early embryogenesis of *Polypterus* (bichirs): Insights into the origin and evolution of vertebrate body plans
○Masaki Takeuchi (RIKEN CDB)

Germ layer patterning and body axis formation are central issues in vertebrate embryology. Our intriguing question is how the mechanisms of embryogenesis that existed in ancestors have been modified during vertebrate evolution. Vertebrate ancestors would have increased their egg size to store yolk, and the increase is considered to account for change of cleavage pattern and germ layer formation. Because the holoblastic cleavage in which all blastomeres contribute to a part of the primary germ layers is conserved in amphibian and protochordates, it has been widely thought to be a developmental pattern in the stem lineage of vertebrates. Embryogenesis of bichir, the most basal ray-finned fish, is quite similar to that of amphibian rather than teleost, not only in its holoblastic cleavage but also in many aspects. However, in holoblastic development of not only bichir but also agnathan lamprey, meso-endoderm develop only in the equatorial marginal zone, and the vegetal cell mass consists of extraembryonic yolk cells. The study raises the viewpoint that the lamprey/bichir holoblastic development would have been ancestral to extant vertebrates and retained in their stem lineage; amphibian holoblastic development would have been acquired secondarily, accompanied by the exploitation of new molecular machinery such as maternal VegT.

国際ワークショップ: IWS2

Evolving shapes and development - viewed from changes in gene regulations: Part 1

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

○Shinichi Aota, Fumiaki Sugahara, Shigeru Kuratani (RIKEN CDB)

In comparison to the protochordates, the vertebrate head has several specific characteristics, such as the neural crest cells and the signaling centers in the central nervous system. The vertebrate-specific signaling centers in the developing neural tube include the anterior neural ridge (ANR) and midbrain-hindbrain boundary (MHB), where FGF8 is expressed. These secondary signaling centers play important roles in the patterning and morphology of the central nervous system of the vertebrates. However, the evolutionary scenarios of the signaling centers are being debated, since protochordate amphioxus only shares the SHH-expressing notochord.

Here we report the expression patterns of various molecular markers showing that the FGF signaling from the ANR is absent in lamprey, a member of the sister group (cyclostomes) of the jawed vertebrates (gnathostomes). Functional assays utilizing an FGFR inhibitor, SU5402, indicated that FGF8 emanating from the nasohypophysial placode instead defines the ventral characters of the lamprey telencephalon. Comparison of the expression patterns of these markers in chordates suggested that gnathostomes acquired a new signaling center, i.e. FGF8 emanating from ANR, after the divergence from cyclostomes. Based on these findings, we propose a model for the evolution of the signaling centers and patterning of the vertebrate head.

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

○Hisaya Kakinuma¹, Yoshikazu Hirate², Sara Trowbridge³, Motoko Aoki¹, Tohru Yano⁴, Hideaki Aono⁵, Koji Tamura⁴, Hitoshi Okamoto¹ (¹RIKEN BSI, ²RIKEN CDB, ³Department of Molecular and Cellular Biology · Harvard University, ⁴Graduate School of Life Sciences · Tohoku University, ⁵Miyako Station · National Center for Stock Enhancement)

The cerebellum evolved after divergence of the agnathans and gnathostomes, but how it evolved is poorly understood. During development, the midbrain-hindbrain boundary (MHB) region secretes fibroblast growth factor (FGF) 8 and acts as a signaling center for cerebellar development. Transcription factors such as *engrailed* (*en*) 1, *en2*, and *pax2*, are also induced around the MHB. Although lampreys express orthologs of these genes in the MHB, they do not have a well-developed cerebellum. Thus, these genes may not be sufficient to organize the MHB in lampreys. In zebrafish, *canopy1* (*cnpy1*) and *engrailed2b* (*eng2b*) show a similar specific pattern of expression near the MHB. *Cnpy1* is involved in FGF signaling by facilitating the maturation and/or modification of FGF receptor 1 protein in the endoplasmic reticulum, and required for the MHB and cerebellar development. In the present study, we identify a genomic rearrangement that occurred around the ancestral *cnpy1* locus before the gnathostome radiation, giving rise to the close linkage between *cnpy1* and *en2*. We propose that this genomic rearrangement may have led to enhanced expression of *cnpy1* around the MHB in gnathostome phylogeny, which may have played a critical role in the emergence of the cerebellum during vertebrate evolution.

[IWS2-3] Evolution of vertebrate paired appendages

Mikiko Tanaka (Tokyo Institute of Technology)

Recent approaches to the study of developmental genetic mechanisms involved in initiation and patterning of paired appendages among different taxa have provided clues to understanding the evolutionary origin of vertebrate limbs. Numerous genetic approaches using chick and mouse embryos have revealed the novel function and control of key regulators of limb development. In addition to these genetic approaches, comparative expression analyses on non-model vertebrates occupying critical phylogenetic positions have shed light on the organization of the vertebrate body plan in relation to the development of paired appendages. In this workshop, I introduce recent progress of our research on these areas and also provide an integrated account of the broad impact of developmental approaches to address the evolution from fins into limbs.

[IWS2-4] Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation-

Koshiba-Takeuchi Kazuko (IMCB, Univ Tokyo)

In vertebrates heart morphology is varied from fish to mammals relating with their life style; fish have one atrium and one ventricle, amphibians have two atria and one ventricle, almost reptiles have two atria and partially separated ventricle, and birds/mammals have two atria and ventricles, completely separated four chamber heart. This fact is well known, but molecular mechanism that provides such differences between four-chamber animals and not four-chamber animals is unclear. To know the molecular mechanism of ventricular septum evolution, we focused on two reptiles, red slider turtle (*Trachemys scripta elegans*) and green anole (*Anolis Carolinensis*). Histological analyses showed anole have a single ventricle heart but turtle forms small septum like structure in the ventricle. Then we observed the expression pattern of Tbx5, its mutations cause septum defects in mouse and human. At the early stages Tbx5 was expressed in the whole ventricle in both anole and turtle, while at later stages in turtle Tbx5 showed gradient expression like that in mouse and chick. And Tbx5 misexpression experiments caused reptile-like single ventricle heart in mouse. These results indicate restricted expression of Tbx5 is critical for septum formation, and give rise to chamber evolution in the vertebrates.

[IWS2-5] Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs

Cheng-Ming Chuong (Department of Pathology, Univ. Southern California)

Integuments form the boundary between organism and the environment. Evolution of many different integument organs allow animals to live in diverse environments. Here we focus on the stem cells and their regeneration in amniote ectodermal organs. We develop further the concept of 1) topobiological arrangement of stem cells and organ shape, and 2) environmental regulation of stem cell activities. We use feather morphogenesis to illustrate how topobiological arrangement of stem cells and regulation of micro-environmental can shape organs. We use regenerative hair wave in mice to illustrate how macro-environment (dermis, systemic hormones, seasons) can regulate stem cell activities. Together, throughout the duration of an organism's life, ectodermal organ stem cells are modulated by a combination of micro-environmental factors and macro-environmental factors to regulate its regenerative cycles, and to shape its morphology. At the evolution scale, modulation of these factors can modify their organ shapes and regenerative behavior.

References

- Yu, et al., 2002. The Morphogenesis of feathers. *Nature* 420:308.
Wu et al., 2004. Molecular Shaping of the Beak. *Science*, 305:1465.
Yue, et al., 2005. Mapping stem cell activities in the feather follicle. *Nature*, 438:1026.
Plikus et al., 2008. Cyclic dermal BMP signaling regulates stem cell activation during hair regeneration. *Nature*. 451:340-344.

国際ワークショップ: IWS3

Perspectives of Evolutionary Studies of Organisms from the viewpoint of Genomic Structure and Function

企画要旨：次世代シーケンサーや第3世代シーケンサーの登場により、ゲノム解読を始めとする様々な塩基配列解析が革命的に進展してきている。このような技術開発の進展に伴って、パーソナルゲノムと言われるようなヒト集団内のゲノム多様性研究から、メタゲノム解析に代表されるような多数種の微生物の全ゲノム解析にいたるまで、ゲノム情報を用いた比較解析は大きな展開を見せている。ヒトゲノムの完全解読が終了した2000年初頭でゲノム研究は終焉を迎えたという誤解が、我が国では一時広く伝わったことがあるが、いまではゲノム解析の第2波が津波として再登場したとでも言うべき状況にある。特に、ゲノムの構造と機能から生物進化の過程や機構を見直すことが可能になってきており、そのような視点で進化研究の今後についての議論を行う。

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

○Kazuyoshi Hosomichi, Takashi Shiina, Shingo Suzuki, Ituro Inoue, Hidetoshi Inoko (Dept. Mol. Life Sci., Tokai Univ. Sch. of Med.)

The human leukocyte antigen (HLA) region at the chromosomal position, 6p21 includes six classical HLA genes and at least 132 protein coding genes that play important roles in the regulation of the immune system as well as some other molecular and cellular processes. This small segment of the human genome is associated with more than 100 diseases such as diabetes, rheumatoid arthritis, psoriasis etc. Furthermore, the HLA region is strongly associated with some drug hypersensitivities. The primary aim of HLA re-sequencing in this study is to provide reference sequences of the most common representative HLA haplotypes in the Japanese and other populations. The 3.8-Mb entire HLA region from MOG to KIFC1 was amplified using 447 long-range PCR (LR-PCR) primer sets. We performed the LR-PCR reactions using genomic DNAs of seven Japanese HLA homozygous cell lines-AKB, TOK, T182 (A24-B52-DR15), HOR (A33-B44-DR13), SA (A24-B7-DR1), LKT3 (A24-B54-DR4) and TAB089 (A2-B46-DR8). The PCR amplified products were subjected to sequencing by Genome Analyzer (Illumina). Data derived from each genome were sorted to lists of sequence variants (SNPs and short indels) on the basis of score values as a measure of SNP call accuracy. We discuss the implications of general informative polymorphism for disease association and for the HLA haplotype building.

【IWS3-2】 THE EVOLUTIONARY ORIGIN OF ISOCHORES: SOME NEW FACTS, SOME NEW IDEAS

Giorgio Bernardi (Laboratory of Molecular Evolution, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Naples, Italy)

Recent investigations from our laboratory have extended our previous analysis of short sequence patterns of isochore families and the corresponding exons and introns from the human genome (Costantini and Bernardi, PNAS 2008) to the gene-proximal regions of the same families. Large differences were found between such regions (both upstream and downstream of genes) when derived from the GC-poor or from the GC-rich isochores. This work (Arhondakis and Bernardi, in preparation) strongly indicated that different transcription factors may be involved in the regulation of genes located in different isochores. Along a different line, a new automatic segmentation method was developed for the human genome (Cozzi and Bernardi, in preparation). Finally, an analysis of recent papers by Graur et al. led us (Clay and Bernardi, in preparation) to conclusions about isochores that are simply opposite.

Added to our previous work, it will be shown that these observations contradict the proposal by Duret, Galtier and others that isochores arise as a result of biased gene conversion.

【IWS3-3】 トランスクリプトーム解析による新規調節メカニズムの発見(New regulatory mechanism found through transcriptome analysis)
林崎 良英 (独立行政法人 理化学研究所 オミックス基盤研究領域)

ノンコーディングRNA (ncRNA) の存在が発見されて以来、その機能解明が世界中で試みられ、今では様々な機能が明らかになっている。2006年のノーベル医学生理学賞を受賞したRNA干渉は21-23塩基程度の小さなRNAが遺伝子発現などを調整する現象である。また、センス-アンチセンスRNAによる遺伝子発現制御機能も複数の報告がある。これらのncRNAの遺伝子発現調節機能を医薬に活かす試みがされているが、アンチセンスRNAを人工的に導入しても効果が低く、RNA干渉メカニズムは効果が高い。この効果の違いは、RNA干渉メカニズムのRNA増幅能力が高いことによるものと考えられる。RNA干渉によるRNA増幅メカニズムは、植物や一部のウィルスのみでしか確認されておらず、ほ乳類におけるメカニズムは解明されていない。RNA干渉のRNA増幅や遺伝子発現調節のメカニズムについて言及する。

【IWS3-4】 Transcriptome analysis and Informatics for the data of next gen sequencers
Kazuho Ikeo (National Institute of Genetics)

次世代シーケンサーの登場により、ゲノム研究の大規模化がさらに加速されている。その結果、従来の手法では測定が難しかった様々なデータが測定可能となってきた。その結果、比較進化の研究においても、新たなアプローチが可能となってきた。例えば、配列決定技術に基づき、発現情報、分子間相互作用、遺伝子調節領域の同定等が網羅的に探索されるようになってきた。結果、仮説ドリブンの研究からデータドリブンの研究が多くなっている。同時に、大量のデータから、どのように有益な情報を引き出すかが重要であり、そのためには、大規模データ同士をさらに併せて解析することが要求されている。一方、従来の枠を超えたスケールのデータにどのように立ち向かうかが大きな問題となってきている。そこで、我々が、経験した、大規模シーケンシングの成果のデータ統合と解析の試みを紹介するとともに、次世代シーケンサーデータに基づく進化学の可能性について、トランスクリプトームの視点から生物多様化メカニズムの解明にどのようなアプローチがとりうるか議論する。

【IWS3-5】 Diversity and Evolution of Human Alternative Splicing
Tadashi Imanishi

【IWS3-6】 The sleeping chironomid: a model organism for understanding the origin of anhydrobiosis in insects and the effect of extreme desiccation on mitochondrial and nuclear genomes
○Oleg Gusev, Richard Cornette, Takahiro Kikawada and Takashi Okuda (農業生物資源研究所 (National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)))

An African midge, *Polypedilum vanderplanki* is the only insect having the ability to stand complete desiccation (i.e. enter anhydrobiosis). The larvae of this insect (called sleeping chironomid) live in temporal water pools on the top of rocks in the semi-arid regions of Africa and get completely desiccated during dry season to revive when the next rain comes. In the dry state, the larvae show high cross-resistances to a variety of exogenous stresses, including temperature fluctuations, organic solvents, excessive dose of different types of radiation and can keep their revival potential for decades. We have recently showed that the anhydrobiotic larvae could survive long-term exposure to outer space. *P. vanderplanki* is a single anhydrobiotic species in the large *Polypedilum* genus, which makes it an attractive model for understanding the origin of evolutionary novelties. Analysis of gene expression and DNA state in the larvae showed that nuclear genome experience severe fragmentation during every cycle of anhydrobiosis. The DNA slowly repaired within several days after rehydration of the larvae and this process was associated with massive up-regulation of heat shock proteins, antioxidants and DNA-repair enzymes both upon entering to anhydrobiosis and further revival. Anhydrobiosis-associated DNA damage seems to have strong impact on both nuclear and mitochondrial genomes. Nuclear DNA of the sleeping chironomid shows strong AT-rich bias and coding sequences have higher mutation rates. We observed increased number of isoforms of protective genes. Mitochondrial genome of *P. vanderplanki* contains a high number of non-coding AT-rich sequences. All these changes are probably an evidence of micro-evolutionary processes in this species driven by anhydrobiosis. We believe that further sequencing and analysis of the genome of *P. vanderplanki* would be an effective tool for understanding the origin and the evolution of extreme desiccation-resistance in insects and higher eukaryotes in general.

ワークショップ

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～

企画要旨：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、前者は雄と雌の2種類の細胞の接合により新たな遺伝子の組み合わせを持つ子孫を作るのに対し、後者は遺伝的組み換えなしにクローンの子孫を作る。多くの生物は有性生殖を行っているが、中には同じ種の中に無性生殖を行うものと無性生殖を行うものが混在している場合や、同じ個体が状況によって2つの生殖様式を切り替えている場合もある。1個体を作るのに2個体必要な有性生殖に比べ、無性生殖は2倍の増殖力がある。しかし無性生殖では、遺伝情報の交換がないため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も言われている。本集会では、まず理論的見地から有性生殖と無性生殖の利点、欠点について整理し、2つの生殖様式が混在しているいくつかの系について、その存在・存続に関して、進化的な側面から考察してみたい。

【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/東京海洋大）

フナ類の無性型は多数のクローン系列が同所的に存在する。ところが、ニッチの近い集団間では強い競争排除が起こるといふ観点から考えると、クローンの系列が多様であることは不思議である。今回、無性型のクローン系列の起源と維持について説明ができそうなことが分かってきた。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。有性型にはオスもメスもいるが、無性型にはメスしかいない。無性型はすべてメスであり三倍体のクローナルな配偶子を作るが、有性型のオスの精子が発生の制約として必要である。通常は、オスの精子は遺伝的に貢献せず、無性型個体からはクローンの娘が生まれてくる。ところが、稀にオスの精子が無性型の卵に受精して四倍体が生じることがある。実際、野外にもごく稀に四倍体の個体が存在し、四倍体にはオスとメスがいます。交配実験と配偶子の倍数性の測定から、四倍体メスは四倍体の配偶子を作る無性生殖を行い、四倍体オスは二倍体量の倍数性の配偶子を作ることがわかった。さらに、四倍体オスと二倍体メスを交配させると三倍体の個体が生じることがわかった。こうして生じた遺伝的に多様な三倍体個体には無性個体も含まれると考えられ、稀な四倍体と通常の二倍体の交配から新たなクローン系列が生じている可能性がある。また、稀に野外に三倍体のオスもいるが、その配偶子の倍数性は平均では1.5倍量であった。この配偶子は異数性である可能性が高い。三倍体オスと二倍体メスを交配すると、様々な倍数性の個体が生まれたが、二倍体も含まれた。この二倍体があれば、無性集団から有性集団への遺伝的な交流が起こる。フナ類の無性生殖は進化的なデッドエンドではないことを示唆している。

【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）

タンポポは、キク科タンポポ属(*Taraxacum*)の植物であり、北半球を中心に分布している。タンポポ属植物は倍数体系列が発達しており、2～10倍体の植物が知られている。日本には、2～8倍体があり、20種ほどに分類されている。タンポポ属植物では、倍数性と生殖様式とが密接に関連している。2倍体は有性生殖を行い、その多くが自家不和合性である。3～10倍体は無融合生殖により種子を生産する。

日本では1980年代ごろから雑種タンポポの研究が盛んに行われてきた。雑種タンポポは、在来の2倍体タンポポと外来の3倍体セイヨウタンポポとの交雑から生まれていることが分かっている。

ところが、セイヨウタンポポと雑種タンポポは、ともに倍数体であり無融合生殖を行っているにも関わらず、遺伝的に多様であることが明らかになっている。

本講演では、倍数体が遺伝的に多様な子孫を生み出すメカニズムについて、ヨーロッパを中心とする先行研究を織り交ぜながら、雑種タンポポでの研究成果を報告する。具体的には、倍数体が花粉親として機能するケースと、種子親として機能するまれなケースに分けて紹介する予定である。

【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・総合工、²首都大・理・生命、³信州大・理・生物）

オオシロカゲロウ *Ephoron shigae* は、河川に生息する体長約20 mm の大型のカゲロウである。本種は地域によって、オスとメスからなる両性個体群とメスだけからなる雌性個体群とが認められる「地理的単為生殖種」であり、雌性個体群においては、単為生殖によって個体群が維持されている。一般に、地理的単為生殖を行なう動物では、高緯度、高標高、乾燥域などにおいて、あるいは、島嶼や島嶼的環境、種の分布域の周縁部において、単為生殖個体群が生じる傾向が強いとされている。これに対し、本種の地理的単為生殖は、両性生殖個体群と単為生殖個体群とが何らかの傾向もなくモザイク的に分布する大変ユニークな例であり、単為生殖個体群誕生の要因を考える上でも興味深い事例であると言える。これまで、本種の単為生殖における細胞・発生学的メカニズム、および雌性個体群の起源の追究を行ってきた。その結果、雌性個体群における単為生殖は、減数分裂を完了した後、雌性前核と第二極核核とが融合することで二倍体のメスを生じる単為生殖様式であること、また、日本各地（本州、四国、九州）に分布する雌性個体群は、単一起源、かつ西日本に起源することが明らかとなった。

【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）

扁形動物プラナリアは進化的に初めて左右相称、三胚葉性、中枢神経系を獲得した原始的な後生生物であり、驚異的な再生力が有名である。しかしながら生殖様式の研究材料としても魅力的である。プラナリアは雌雄同体で、淡水に棲む多くの種が有性・無性生殖の両方を行う。そして自然界において、同種でありながら、有性生殖のみの系統（Innate sexual; InS）、無性生殖のみの系統（Asexual; AS）、季節により転換する系統が存在する。その生殖様式転換機構の解明に向けた取り組みを紹介する。

無性個体に有性個体を餌として与えると、生殖器官形成が誘導され有性生殖可能な人為的有性化個体（Acquired sexual; AcS）を得られる。これは有性個体内に有性化因子が含まれることを示す。そこで孵化後、自律的に生殖器官を形成するInSと、そうではないAcSの比較により生殖様式決定機構を探っている。これには有性化因子を自律的に産生開始できるか否かが鍵と考えられる。その能力が幹細胞neoblastに担われているかを調べるため、AS個体に両者のneoblastを移植し、有性生殖誘導能を調べたので報告する。

【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・院・生命科学）

アイナメ属では、亜寒帯性種のスジアイナメを雌とし、温帯性種のクジメ・アイナメを雄とする一方向性交雑が生じており、雑種は全てメスとなる。雑種は繁殖力を有するが、卵形成時に父方種ゲノムは排除され、母方のスジアイナメゲノムのみを含む半数体の卵が生産される。雑種の生産する半数体卵は、父方種と受精して再び2倍体雑種となるため、交雑帯にはF₁型の雑種しか存在しない。母方ゲノムはクローンとして次世代に伝わるが父方ゲノムは世代ごとに入れ替わるため、この生殖様式は半クローン生殖と呼ばれている。一般にクローン生殖は、組換えによる遺伝的多様性の創出機構を欠いているため、進化的に短命であると言われている。しかし半クローン生殖では、有性生殖する父方種のゲノムを体細胞に取り込むため、遺伝的多様性の減少を補うことが可能である。またスジアイナメゲノムにとっては、雌しか産まない雑種の中に半クローンとして存在している方が、高い増殖力を期待できるだろう。ワークショップでは、スジアイナメ半クローンによる有性生殖種への遺伝的寄生ともとれる、この生殖様式の進化的意義、有性生殖種との共存機構などについて、議論したい。

ワークショップ: WS2

利己者と利他者の絶滅回避をめぐる適応動態

企画要旨：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、生物進化における長期的適応度の重要性を議論する。

【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・多田紘一郎（北大院・農・生物生態体系）

アリやハチのワーカーには、処理すべき仕事の出す刺激に対して反応する閾値（反応閾値）に個体差があり、これにより、労働分業が制御されていると考えられている。反応閾値の個体間変異の適応的意義はいくつか報告されているが、反応閾値の個体間変異を持つシステムでは、一部の個体は常に働かないので、全員が一斉に働くシステムよりもコロニーが処理できる仕事量は必ず低くなる。社会性昆虫のコロニーは群レベル選択の対象なので、このような低効率のシステムがなぜ維持されているかは進化的なパラドックスである。今回の発表では、動物の運動に必然的に伴う「疲労」の効果を考えて、一部のものがいつも働かないシステムは、全個体が一斉に働くシステムよりも、短期的には低効率だが長期的存続が可能であることを示し、反応閾値モデルのパラドックスを解決する。

【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・農）

利己的戦略の脅威のもとで協力がいかにして起源し、そして存続してきたかは、近年の進化生物学において主要な問題のひとつである。アミメアリ *Pristomyrmex punctatus* は女王を持たず、コロニー内の全個体が単為生殖による繁殖と労働の双方を担う協力社会を形成しているが、一部集団のコロニーに、協力個体とは遺伝的に独立した裏切り系統が混在している。裏切り系統は産卵数が多いためコロニー内で頻度を増すが、労働を行わないことからコロニーを数世代で崩壊させるほどの悪影響を持っており、直観的には自らの系統の存続自体を危うくしているように思われる。しかしながら集団遺伝解析の結果、裏切り系統は集団内で200-9200世代（年）にわたって協力系統と共存していることが推定された。遺伝データからは裏切り系統が他コロニーに侵入していることが推定されたが、先行研究によりコロニーは他コロニーの個体に対して攻撃性を示すことが知られている。本発表では、裏切り系統の侵入先コロニーの遺伝的特性を中心に、他コロニーへの侵入とそれに伴う系統存続を実現するメカニズムについての知見を報告する。

【WS2-3】 生物における共生進化のダイナミクス

○吉村仁¹、成相有紀子²（¹静大・創造院、²静大・院工）

これまでの研究では、共生や協同行動は個体選択の立場からするととても進化しにくいと考えられている。しかし、近年、微生物から人間まで多くの生物が異種間の共生を進化させてきたことがわかってきた。さらに多くの生物では同種内での協同行動を進化させてきた。このように、何回も生物は共生・協同行動を進化させてきたが、その理由は現在のところ分かっていない。

本講演では、このような共生や協同行動の進化は、厳しい環境下での生物個体群・共同体の存続が重要な項目であると考えられる。そこで、環境条件により、存続可能性が変化する、つまり環境が厳しくなると存続可能性が低くなると仮定して、共生・協同行動が進化するかを検証する。さらに、生物の進化史や人間の歴史から、共生・協同行動の進化ダイナミクスを環境変化・変動の影響として考察する。

【WS2-4】 共生系個体群動態の基本モデル

○泰中 啓一、小林 和幸、比嘉 慎一郎（静岡大）

近年の気候変動や人間による開発は、生物の適応に大きな影響を及ぼしている。生態系動態予測手法の研究開発は、生物多様性を保全する上で、緊急の課題である。

現在、生態系動態予測手法として、ロトカ・ボルテラ理論が基本モデルとして使われている。しかし、この理論は共生系に適用できない。なぜなら、個体数が無限大に発散する場合があるからである。世界中の大学教科書において、共生系個体群動態の基本モデルがないように思える。本研究では、大学教科書における、共生系個体群動態の基本モデルの指針を示す。

発散問題を解決するため、個体ベースモデルから出発する。格子シミュレーションから出発し、平均場理論を体系化すれば、共生系にも適用できる基本モデルが得られる。講演では、様々な個体群動態を示す。たとえば、絶対（必須）共生系のアリー効果、片利共生タイプのアリー効果、競争系的性質などの個体群動態が含まれる。

ワークショップ: WS3

生態適応と形質分化

企画要旨：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。そのような生態形質の分化機構の解明は、進化生態学における従来からの中心テーマであるが、2000年以降 Adaptive Dynamics理論の台頭により、この分野における理論的研究が大きく発展した。実証研究においても、分子系統学、量的遺伝学、発生学的手法が発展し、これらのアプローチによって自然選択の証拠や、形質進化の背景にある遺伝学的、発生学的メカニズムの解明が著しく進展してきた。本ワークショップでは、これらの適応分化機構に関わる研究を紹介し、生物多様性の創発に生態適応がいかに機能しているかについて議論したい。

【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³（¹北大・院環境、²LIPI、³北大・院理）

集団が異なる環境へ適応することで、形質の分化と生殖隔離が急速かつ連続的に進化する現象を“適応放散”と呼ぶ。適応放散の例はこれまでにいくつか紹介されてきたが、特定のグループ内において、どのような形質や適応がどのように適応放散に関わるかが示されたものはほとんどない。インドネシアの食植性テントウムシ *Henosepilachna diekei* では、西ジャバにおいてキク科とシソ科のそれぞれの食草に特殊化した集団が同所的に生息しており、これらは極端な食性の違いだけで隔離された“ホストレース”になっている。さらに広域を調査したところ、このテントウムシはインドネシアおよびマレー半島において、3科4属6種の草本にそれぞれ特殊化した集団から構成されることがわかった。これらの異なる食草に特殊化した集団は、遺伝的に近縁かつ実験室内で互いに自由に交配可能なことから、この極端な食性の分化が短期間で生じたものと推測される。このテントウムシにおいては、異なる食草への特殊化それ自体が集団間の隔離に直結しており、食草変更が適応放散の主因となっている可能性が高い。異なる食草へ特殊化した集団がどのように進化してきたかについて、現在得られている結果を紹介したい。

【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・環境リスク、²IIASA・EEP）

Adaptive Dynamicsとは、生態的環境（物理的環境や資源、競争者、天敵）に対する生物の適応進化を解析するための理論である。注目する生物種あるいは個体群の生態的環境を明示的に記述し、その環境がもたらす方向性選択や安定化/分断化選択を解析することにより、その集団の適応進化の定性的な性質を推測することができる。特に、1つの集団が形質の分化を伴い2つの集団に分かれる進化的分岐（evolutionary branching）という現象は、Adaptive Dynamics理論によりその条件が導かれた。この現象は、様々な生態的相互作用（資源競争、捕食被食相互作用、共生など）や生態的文脈（分散様式、協力、表現型の可塑性など）において生じ得る。本発表ではまず、Adaptive Dynamics理論の仮定や手法の簡単な説明と、進化的分岐現象の解説を行う。次に、複数の形質が同時に進化する場合の進化的分岐現象を扱うために、発表者らが考案した手法を紹介する。数式による説明は可能な限り回避し直感的な説明を心懸ける。

【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・人間発達環境、²東北大・生命科学、³徳島大)

シソ科ヤマハッカ属のイヌヤマハッカ群に見られる花筒長の大きな地理的変異は、送粉者であるマルハナバチの口吻長と対応して進化したものであると考えられる。この仮説を検証するため、イヌヤマハッカ群15集団において、訪花マルハナバチ相に影響する要因(緯度・経度・標高差・花筒長差)を検討した。その結果、マルハナバチ相を決める主要因は標高であることがわかった。また、花筒長と標高の間にも強い相関がみられたことから、標高によるマルハナバチ相の違いが花筒長変異に影響を与えていることが示唆された。

同じ15集団についてアロザイム酵素多型解析を行った結果、集団間には大きな遺伝的分化が認められた($G_{ST}=0.36$)。集団間の遺伝的分化に影響する要因(集団間の距離、標高差、花冠長差)を検討したところ、標高差がもっとも強く影響していることがわかった。つまり、花形態の分化と同様に、遺伝的分化も標高によるマルハナバチ相の違いに影響されていることが示唆された。

ヤマハッカ属13種について葉緑体DNAを用いた系統解析は、花筒長などの形態形質によるまとまりとは一致せず、ヤマハッカ属が交雑を伴いながら、最近急速に分化したことを示唆している。このようなヤマハッカ属の急速な地理的分化は、地域毎のマルハナバチとの相互作用を通じて生じたと考えられる。

【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・院理、²ロシア科学アカデミー)

集団間で異なる環境へ適応している場合、この適応が拮抗的な遺伝子流動を凌いで、集団間に遺伝的隔離をもたらすことがある。このような適応的集団分化は、空間的に配置された環境と集団を対象として研究されることが多い。だが、環境は空間的にだけでなく、時間的にも変化し、適応的分化をもたらすと考えられる。実際、遺伝的に分化した同種の“季節集団”が同所的に存在する例があり、季節的な環境変化に対する適応が季節集団の遺伝的分化をもたらしている可能性がある。冬尺蛾と呼ばれる冬季繁殖性のシャクガ科蛾類の一種であるクロテンフユシャクでは、真冬でもあまり寒くない温暖な地域では、真冬に成虫が羽化し繁殖を行うが、真冬が厳冬環境となるような寒冷地では遺伝的に分化した初冬型と晩冬型の季節集団が同所的に存在する。

系統地理解析の結果、クロテンフユシャクの初冬型と晩冬型が本州北部と九州の山岳地で並行的に進化したことが明らかになった。異なる系統で同じ形質が並行して進化する場合、自然選択の関与が強く示唆される。実際、これらの2地域は寒冷地であり、厳冬環境を避けるような2つの生活史が進化し、季節集団が生じたと考えられる。

【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・農)

昆虫が発する「音」には様々な意味がある。例えば交尾を促す「求愛音(courtship song)」、警戒時や相手の拒絶時に発する「ストレス音(disturbance song)」などが知られている。本講演では様々な昆虫の「音」に焦点を当て、その構造変異と遺伝的基盤を探った研究例を紹介したい。最初の例はスペイン北部でモザイク状の交雑帯を形成している2種のヒナバッタ *Chorthippus brunneus*, *C. jacobsi* を扱った例である。形態学的にはこれら2種は大変似通っているにもかかわらず、オスの求愛音は大きく異なっている。またそれぞれの種のオスが発する求愛音の特徴をメスが判別し、同類交配が行われることも示されている。これら2種のバッタを材料に一連の交配実験を行い、音の構造変異に関与する遺伝子の遺伝効果や責任遺伝子数を推定した。2つめに、南西諸島に分布する侵入害虫イモゾウムシが発する「擬死音」を取り上げる。本種の音に関する遺伝的背景は未解明であるが、これまで行った調査からは、音の構造に異なる地域間で有意な変異が見つかった。その変異の実体について報告すると共に、今後の研究展望についても触れてみたい。

【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 衡至^{1,2}、岡田 典弘²、Thomas D. Kocher¹ (1アメリカ・メリーランド大、²東工大・院生命理工)

アフリカ三大湖（ヴィクトリア湖・マラウィ湖・タンガニカ湖）に生息するカワスズメ科魚類（シクリッド）は、爆発的な適応放散を遂げたことで知られている。その過程で、採餌器官である顎部形態はそれぞれの食性に適応して進化したと考えられている。しかし、種特異的な成体の形態が成長に伴ってどのように形付けられるのかについてほとんど明らかになっていない。

そこで、我々は河川種であるナイルティラピア *Oreochromis niloticus* とヴィクトリア湖産シクリッド *Haplochromis chilotes* を用いて下顎骨が成長に伴ってどのように形態が形づけられるのか幾何学的形態測定法により解析した。その結果、どちらの種でも成長過程に二つの変遷時期があり徐々に成体の形態が形づけられ、その変化は2種間でほとんど同じパターンを示し、成魚の形態の差異は成長変化の違いというよりはむしろ発生初期の違いによって引き起こされることを明らかにした。

この結果を踏まえ、形態の多様化を引き起こした分子機構を明らかにするという目標に対し、今後どのように本研究を発展させることができるかについて議論する。

ワークショップ: 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

企画要旨：次世代シーケンサやマイクロアレイの発達により、さまざまな生物の全ゲノム塩基配列やこれまで考えられなかった環境中・多種生物叢におけるメタゲノムといった、大規模データが簡単に手に入るようになり、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。この大規模データ時代において、仮説ドリブンの研究からデータドリブンの研究が多くなっているが、ここで今一度、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に焦点をおいた研究会を開催する。本研究会では、メタゲノムのみならず、環境中や生物種間での動的な遺伝子発現からなるメタトランスクリプトームの視点から生物多様化メカニズムの解明にどのようなアプローチがとりうるか議論する。

【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（国立遺伝学研究所）

次世代シーケンサやマイクロアレイの発達により、様々な生物の全ゲノム塩基配列やこれまで考えられなかった環境中・多種生物叢におけるメタゲノムといった、大規模データのスクリーニングが可能となった。この技術革新は、進化研究の進め方にも大きな影響を与え始めている。その結果、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、このような状況を踏まえて、メタゲノムのみならず、環境中や生物種間での動的な遺伝子発現からなるメタトランスクリプトームの視点から生物多様化メカニズムの解明にどのようなアプローチがとりうるか議論を目指す。そのための、現状と期待される方向に関して意見を述べる。

【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）

メタゲノミクスは、細菌叢を構成する細菌種のゲノムの混合物（メタゲノム）のゲノム（塩基配列）情報をバイオフィーマティクスによって解析して、細菌叢のもつ遺伝子情報（＝機能）からその機能特性等を解明する新しいゲノム科学である。本手法は細菌の培養・難培養性にかかわらず構成細菌種の遺伝子/ゲノム情報をバイアスなくより定量的な解析を可能にする。よって、メタゲノミクスは、これまでの菌種組成や分類研究に加えて、群集としての構造と機能の理解が可能となる。すなわち、これらのメタゲノミクスのもつ利点は、地球規模での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、グローバルな細菌進化と多様性の解明等に新たな切り口で迫ることができる。本ワークショップでは、従来よりも数桁違う解析スピード、解析深度、定量性をもって塩基配列情報を獲得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解説する。

【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・生物プロセス）

ベンゼン、フェノールなどの芳香族化合物は、化学工業の発展に伴い環境中に放出されてきた。こうした環境汚染物質は、生物にとっては「毒」であるが、驚くことにこれらを「餌」に生きていく特殊能力を身につけた微生物が出現してきた。このような現象は、比較的短いタイムスケールで起きており、難分解化合物の分解機構の解明は、微生物・遺伝子の環境適応機構を探る良い研究材料となる。我々は、ひとつの環境中で起きている芳香環分解遺伝子の動態を包括的に捉えるために、メタゲノム解析を行った。その結果可能となる、相同な遺伝子群の幅広い取得と解析は、遺伝子が環境に適応してきたメカニズムを探るうえでの重要な手掛かりを提供するはずである。そこで、芳香族化合物を多量に含む産業廃水を処理する微生物群集（活性汚泥）からメタゲノムライブラリーを構築し、酵素活性を指標にエクストラジオールジオキシゲナーゼ（EDO）群のスクリーニングを行った。本講演では、取得されたEDO遺伝子の多様性・新規性について紹介するとともに、点突然変異で区別される相同EDO遺伝子群の酵素機能解析、それから導かれたEDO酵素の適応進化の分子基盤について考察する。

【WS4-4】 海産浮遊性プランクトンの次世代シーケンス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³ (1水研セ瀬水研、2日本総合科学、3水研セ西水研)

本研究では、世界の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を、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を行い、全出現種の記録と生物多様性比較を目的とする。2009年に広島湾・石垣島から海水をそれぞれ5回採取し、DNA抽出後、核18S-rDNAの領域を増幅し、次世代シーケンス解析により出現種を解析した。取り急ぎ、約5万リード（平均500bp）を解析した結果、各海域ともに>900の異なる配列を得、両海域を合わせると、>1,500の異なる配列を得ることに成功した。このうち、藻類については、藍藻、原核緑藻以外の全ての植物門 (>21藻綱) から多数の種が検出された。原生生物として、織毛虫、根虫類（アメーバ、放散虫等）、孢子虫、鞭毛虫、ラピリンチュラ等、菌界、動物界についても、海綿、刺胞、扁形、線形、外肛、軟体、ユムシ、環形、節足、棘皮、脊索動物門に属す種が多数検出された。Blast検索の結果、ヒットしなかったのはわずかに10配列程度にとどまり、以上から、全出現種の網羅解析する手法として、技術的にかなり確立されたものであることが示唆された。

【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・理・情報）

ゲノム配列の取得が容易になった事で、進化とゲノムの変異の関係を調べる比較ゲノムの研究が盛んに行われている。しかし、遺伝子配列に変異が無くともその遺伝子が発現するタイミングや条件に変化が起こる可能性もあり、進化を理解する次なるターゲットとして、

発現の変化を網羅的に調査する比較トランスクリプトームに注目が集まりつつある。遺伝子発現を大規模に調べる主な手法として、近年注目を浴びる次世代シーケンサーを利用する方法と、マイクロアレイを利用する方法がある。現時点で次世代シーケンサーを用いて発現量調査を行う場合、対象となる種的全ゲノムあるいは全遺伝子配列が分かっている事が前提となり、全ゲノムが解析されていない種の進化を解析することは難しい。また、現時点ではコストや定量性に関しても難があるため、マイクロアレイの利用が現実的である。

本講演では、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の設計手法を提案する。これにより、安価で多種の発現比較を同時に行う事が可能となる。

【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・難研）

ゲノム、トランスクリプトーム、インタラクトームなどの網羅的分子生物データの蓄積にともない、生命の進化を、個々の遺伝子の変異と中立・選択進化としてのみならず、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[Koonin & Wolf 2006 Curr Opin Biotech, Medina 2005 PNAS]。こうした視座は、急速に進展している合成生物学(Synthetic Biology)から、生命システム工学の理論的基礎として、システム進化から生命システムのグランドデザインを解明することが期待されており[Arkin 2007 ICSB]、また薬剤ターゲットの設計や疾患遺伝子の解明に寄与することも期待されている。本発表では、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する。薬剤ターゲット遺伝子や疾患関連遺伝子との関連についても議論する。

【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・基盤）

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打って付けの材料である。日本型のアジア栽培イネでは、国際共同計画として「日本晴」品種の全ゲノム配列を決定し、これがイネゲノム研究の中核として利用されてきた。近年のシーケンシング技術の劇的な向上を受け、我々はIllumina GAIIx及びRoche GS FLX Titaniumを用いてゲノム及びトランスクリプトームの大量解析に着手した。多様性解析では非常に小さな塩基配列上の差を問題にすることから、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。この過程で、日本晴品種内でもかなりの多様性があり、染色体ごとにばらつきはあるものの、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なった。また、トランスクリプトーム研究に向けては専用の解析パイプラインを開発し、マイクロアレイと同等以上の解析が可能であることを確認している。特に、新規遺伝子構造を短鎖配列から再構成することがトランスクリプトーム解析では重要であるので、このための新たな方法論開発について現状を報告し議論したい。

【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・アカデミックプロダクション）

Pax6などのいわゆる眼のマスターコントロール遺伝子は動物界に広く保存されており、眼の形態形成に非常に重要な役割を担っている。一方、眼の形態を観察すると、単純な単眼から、ミラー眼、複眼、ピンホール眼、カメラ眼と形態は多岐にわたり、系統非特異的な進化過程を経てきている。そこで、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を題材に、比較トランスクリプトームにより形態多様化プロセスの解明を目指した。軟体動物のうち、カメラ眼を持つ頭足類のヤリイカ/ヒメイカ、ピンホール眼を持つ頭足類のオウムガイ、ミラー眼を持つホタテガイを材料に各生物の眼でどのような遺伝子が発現しているか、cDNAライブラリの配列をベースに種間マイクロアレイを開発し、トランスクリプトーム比較を行った。原始的な眼を持つホタテガイの眼の遺伝子は、他生物にも保存される割合が高いのに対し、より高度なカメラ眼を持つイカではホタテガイやオウムガイにはないカメラ眼特異的遺伝子が存在することが明らかになった。

【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²、豊田 敦³、藤山秋佐夫^{3,4}、阿形清和²（¹京大・霊長研、²京大・院理、³遺伝研、⁴情報研）

次世代シーケンサーを使ったRNA-seq法により異なる細胞集団や異なる集団・種間における転写のダイナミクスを詳細に解析することが可能になってきた。本研究では、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、遺伝子発現制御機構の解明を試みた。Illumina-GAIIxを使用し、個体あたり3-5Gbの配列を取得し、それらの配列をチンパンジー参照配列にマッピングしたところ数十万のSNPを検出した。また、3個体間における転写SNPを数万個検出し、そのゲノム上の位置を調べたところ、タンパク質翻訳領域より非翻訳領域により多くの多型を検出した。アレル特異的な転写産物を親子間で比較することにより、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事ができ、さらにインプリンティング遺伝子の直接的な発見も可能となる。その候補としてすでに数千の転写SNPを検出している。具体的には、免疫関連遺伝子LILRB3が母親由来のアレルだけ子供で発現していることを見つけている。マウスにおいてはこの遺伝子は父親由来のアレルが特異的に発現することが知られており、このことはインプリンティング機構の高い可塑性を示す例として興味深い。

ワークショップ: WS5

統計的方法論の最前線

企画要旨：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。このワークショップではゲノム・分子配列の統計分析において、進化学の問題意識が新しい統計的方法論を生み出す現場を紹介する。そして相互交流のきっかけになるような議論をしたい。

【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、Bojian Zhong, 米澤隆弘、Yang Zhong (復旦大・生命)

従来の分子系統学では1個あるいはせいぜい数個の遺伝子データを用いて系統樹解析が行われていたために、サンプリングの誤差が大きく、はっきりした結論が得られないことが多かった。ポストゲノムの時代になり、ゲノム規模の大量データによる系統樹解析が行われるようになり、サンプリング誤差が小さくなり、はっきりした結論が出せるようになってきた。しかし、系統樹推定法の偏りのために、間違っただけの系統樹が強く支持されてしまう危険性が指摘されている(Nishihara et al., 2007)。グネツム類は種子植物のなかでも系統的な位置づけをめぐって論争の絶えないグループである。今回の発表では、葉緑体ゲノムデータによるグネツム類の系統的な位置づけに関する最近のわれわれの解析を紹介する。その結果、単純なモデルで得られた系統樹では100%のブートストラップ確率でグネツム類の姉妹群がNon-Pinaceae coniferであることが支持されたが、多分これは系統樹推定法の偏りによるものであり、実際にはグネツム類の姉妹群はPinaceae (マツ類) である可能性が高いことが明らかになった。

今回の発表では、このほかに葉緑体ゲノムデータによるイネ科植物進化の年代推定の問題点(Zhong et al., 2009)も紹介する。

文献

Nishihara, N. et al. (2007) Genome Biology 8:R199.

Zhong, B. et al. (2009) PLoS One 4(4): e5297.

【WS5-2】 分子進化のベイズ推定

○岸野洋久 (東京大学農学生命科学研究科)

マルコフ連鎖モンテカルロ法(MCMC)の普及に伴い、分子進化学の種々の側面でベイズ統計が浸透してきた。尤度を通じてデータの背後にある確率構造をモデル化し、補足情報を事前分布として解析に取り込むのが基本的なアイデアである。すなわち、ベイズ推定量は、最尤推定量の縮小推定とみなすことができる。データの持つ情報の量とともに問題も複雑化し、多母数を扱う場合、推定量を緩やかに縛る縮小推定は効力を発揮する。ここでは、緩んだ分子時計に基づく分岐年代と進化速度の推定、ゲノム組換えの推定、タンパク質にかかる多様化圧の空間分布の推定の問題という、演者が関わってきた3つの問題を紹介する。進化速度の推定では、隣接枝間の速度の違いにペナルティを課す。ゲノム組換えの推定では、隣接サイト間のトポロジーのSPR距離にペナルティを課す。多様化圧の空間分布の推定では、構造上の隣接部位間の多様化圧の違いにペナルティを課す。尤度のモデリングと事前分布のモデリングを組み合わせることでデータへの適合度と事前情報の強さのバランスを客観的に評価することについて、考察する。

【WS5-3】 配列進化の統計的モデル

徐泰健 (東京大学)

DNA塩基やアミノ酸の相対的な置換速度を表す配列進化モデルは、分子進化の研究において非常に大事なツールである。適切なモデルを採用することにより、分子系統樹や分岐年代の推定、自然淘汰の検出等ができる。タンパク質コード領域の解析にあたっては、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種類のモデルが適用可能である。この3種類のモデルグループの中には、また多数のモデルが紹介されており、同じグループの中でのモデル間の比較・選択は以前から活発に行われてきた。しかし、グループをまたがるモデル間の比較は、ほとんど行われていなかった。その理由は、異なるデータ構造のため、モデル比較によく使われるAICやBICを直接適用できないからだ。この問題の解決に取り組み、私は上記の3種類のモデルをより一般的なモデルに変換する方法を開発した (Seo et al. 2008, 2009)。これにより、AICやBICを用いて3種類のモデルを直接比較することができるようになった。本発表では、3種類のモデルの特徴を述べたうえで、配列進化モデル開発の現状と将来を展望する。

【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 (統数研 / ¹統数研, ²国立国際医療研究センター, ³名古屋市大・医)

ゲノム研究における統計科学の重要な貢献のひとつは、ゲノム多様性から進化機構について推論するための枠組みを提供することと思われる。集団遺伝学は生物集団の遺伝的多様性と進化機構を研究する学問であり、数理的基礎が1920年代に推測統計学の創始者でもあるRonald Fisherにより創始されて以来、遺伝的多様性の生成・維持機構を統計学的に推測するための基礎となる確率モデルを提供し、大きな成功を納めている。しかし、ゲノム、すなわち遺伝子の集合を扱うモデルは未整備であり、ゲノムの性質と考えられる一般的な表現型の多様性の理解にはほぼ無力である。本講演では、ゲノム多様性の確率モデルを構築し、ゲノム多様性から表現型の進化機構について推測するための枠組みを提供することを目指して行っている研究について紹介させて頂きたい。

【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・情報理工)

さまざまな統計的信頼度が系統樹推定で用いられている。頻度論的な信頼度としてブートストラップ確率、Shimodaira-Hasegawa test, Kishino-Hasegawa test, マルチスケール・ブートストラップ法による近似的に不偏な確率値 (AU) などがあり、その一方でベイズ的な信頼度としてMCMC法による事後確率がある。多くの信頼度があるが、いったいどの信頼度を使えばよいのか、そしてどのように使うのが適切なのか、判断が難しいこともあるだろう。このような混乱の一因は、そもそも信頼度の決定版が存在しないことである。事前知識と有限のデータから一般的な法則を見出す帰納的推論は本質的に難しい問題であり、いまだ未成熟な統計手法を現場の上手な運用によって合理的な判断に結びつけている。ここでは、(1) 頻度論とベイズ、(2) 確率モデルと現実とのズレ (model misspecification)、(3) 検定の多重性とfalse discovery rate (FDR)、などの観点について信頼度の位置づけを説明し、合理的な信頼度とは何なのか、今後の議論のきっかけとしたい。

ワークショップ: WS6

ゲノムから見る微生物進化

企画要旨：DNA配列決定コストの低減により、現在までに1,000系統以上の真正細菌・古細菌のゲノム完全長配列データが蓄積している。また、地球上の大多数の微生物種は難培養性で、ゲノム解析は困難であったが、少数の細胞からゲノム配列を取得する技術開発が進行しており、今後、さらに多様な微生物種のゲノム情報が入手可能となるであろう。本ワークショップでは、ゲノムから見る難培養細菌種の機能と進化、原核生物と真核生物の共生機構の進化、原核生物の翻訳機構・ゲノム複製機構の進化など、ゲノム情報を活用した微生物進化に関わる先端的研究を紹介し、今後の展望などを議論する。

【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・先端生命研)

Transfer RNA (tRNA) 分子は蛋白質の生合成に必須な分子であり、すべての生命が普遍的に有している。近年アーキア(古細菌)ゲノムから、最大でイントロンを3つ含むtRNA遺伝子やtRNAが2つの遺伝子に分かれてコードされている split tRNAと呼ばれる特殊な例が報告され、アーキアにおけるtRNA遺伝子の多様性が明らかとなってきた。我々のグループではコンピューター解析を通じて50を超えるアーキアゲノムから網羅的にtRNA遺伝子の探索を行い、これらのユニークなtRNA遺伝子の起源と進化に迫った。その結果、超好酸好熱性アーキア *Caldivirga maquilensis* において新たに計10のsplit tRNA遺伝子を発見した。面白いことにこれらのsplit tRNA断片は2つあるいは3つで1つの成熟tRNAに対応し、その組み合わせをシャッフルすることで異なるアンチコドンのtRNAに対応していることが確認された。さらに一部のsplit tRNAにおいて断片化している位置と末端配列が近縁種ではイントロンの挿入箇所及びその配列と一致していることから、進化の過程でsplit型tRNAからイントロン介在型tRNAが生じた(あるいはその逆である)可能性が強く示唆された。本会ではtRNAイントロンの起源に関する新しい知見とともに、エキソンが分断された多様なtRNA遺伝子の進化に関して議論したい。

【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・生命情報DDBJ、²東医歯大・難治研、³東大・名誉教授)

mRNAから蛋白質への翻訳開始は遺伝子発現の律速段階の一つである。原核生物ではmRNA上の開始コドンから上流8~15塩基にShine-Dalgarno (SD) 配列と呼ばれる配列があり、それが効率的な翻訳開始に関与すると一般的に考えられている。その一方、例外的としてこれ以外の翻訳開始機構の存在も知られている。全ゲノムレベルでの翻訳開始機構の進化過程を解明することを目的として、277種の原核生物の完全ゲノム配列の比較解析を行った。各生物種の16S rRNAの3'末端配列とmRNAの開始コドン上流配列の結合自由エネルギーの計算結果から、SD配列をもつ遺伝子の割合は同一系統内(門レベル)でほぼ一定だが、系統が異なるとその割合が異なることも分かった。SD配列をもつ比率が低い系統では、SD配列が効率的な翻訳開始に寄与しない可能性を発見した。SD配列が無い遺伝子の開始コドン上流配列の塩基バイアスを多変量解析した結果、真正細菌と古細菌でその特徴は大きく異なり、加えて系統特異的なバイアスも存在することが明らかになった。これらの結果から翻訳開始機構はSD以外にも系統ごとに多様に進化していることが示唆された。

【WS6-3】 宿主昆虫と必須共生細菌のゲノム進化

○中鉢淳（理研・基幹研）

昆虫のなかには、「菌細胞(bacteriocyte, mycetocyte)」とよばれる特殊な細胞をもち、この細胞質中に、絶対的な相利共生関係にある細菌を保有している例が数多く見られる。こうした共生細菌は、数千万年前から数億年前にそれぞれの昆虫グループの祖先種により独立に獲得されたのち、垂直感染のみで受け継がれており、必須栄養素などを供給することで、宿主昆虫の生存を支えている。講演前半では、このうち、アブラムシの系に注目する。共生細菌Buchnera aphidicolaのゲノム解析(Shigenobu et al., 2000)に続き、先ごろ演者らの国際コンソーシアムは宿主アブラムシAcyrtosiphon pisumのゲノム解析に成功した。これにより、必須共生関係にある細菌と宿主動物両者のゲノム情報が、世界で初めて出そろったことになる。遺伝子水平転移の可能性などを検討しながら、両者のゲノム進化について考察したい。一般に共生細菌のゲノムは縮小する傾向があるが、講演後半では、その極端な例としてキジラミの共生細菌Carsonella ruddiiの極小ゲノムについてお話しする。

【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・教養、²産総研・ゲノムファクトリー、³東大院・新領域）

マルカメムシ科に属するカメムシは、植物の師管液を主食とする昆虫である。植物の師管液には一部の必須アミノ酸が不足しており、それを補うためにマルカメムシの仲間は、共生細菌イシカワエラを自身の中腸内に保持している。イシカワエラはその感染の仕組みも変わっており、宿主昆虫のメスが産卵時に卵塊に産みつけるイシカワエラの詰まったカプセルから、孵化幼虫がその共生細菌を吸引することにより成立する。我々はこの特徴的な感染方法を利用して、イシカワエラの置換実験を、マルカメムシとその近縁種であるタイワンマルカメムシを用いて行った。その結果、マルカメムシのイシカワエラは宿主昆虫がダイズ上で効率良く繁殖することを可能とする一方で、タイワンマルカメムシのイシカワエラにはこの能力が無いことがわかった。現在は、この2種に加えて、これらの外群となる近縁種の計3種の共生細菌イシカワエラの比較ゲノム解析から、ダイズ利用能に影響を与える遺伝的変異や、利用食物と遺伝子レパートリーとの関係、ゲノム縮退に関わる塩基の変異パターンなど、マルカメムシ類の共生細菌に関する進化遺伝的な問題の解明を行っており、その新たな知見について報告する。

【WS6-5】 ゲノムから見るシロアリ腸内原生物細胞内共生細菌の機能と進化

○本郷裕一（東工大院・生命理工）

シロアリは植物枯死体のみを餌とし、地球の炭素循環に大きく貢献している。しかし、その木質分解能力をもたらず腸内微生物群の大部分は培養不能であり、詳細な共生機構は未知であった。そこで、少数の細菌細胞からゲノム完全長配列を取得する系を確立し、個々の培養不能細菌種の機能解明を目指した。その結果、シロアリ腸内で木質分解を担う培養不能原生物の、さらにその細胞内に共生する培養不能細菌2種（Rs-D17とCfPt1-2）の環状染色体完全長配列再構築に成功した（Hongoh et al. 2008 PNAS, Science）。ゲノムサイズはともに1.1 Mbで、DNA修復/複製、防御、輸送などに関わる遺伝子の多くが偽遺伝子化していた一方、アミノ酸とビタミン合成系遺伝子群は豊富に保持していた。さらにCfPt1-2ゲノムからは、空中窒素固定および原生物窒素老廃物再利用を可能とする遺伝子群が発見された。餌である木片には窒素分が乏しいが、腸内細菌が原生物のオルガネラのような進化を遂げ、効率良く木質分解と窒素分補給を連動させる、精巧な多重共生機構が初めて明らかとなった。

【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¹（¹慶大・先端生命）

真正細菌の染色体複製は、一つの決まった複製起点から両方向に進む複製フォークによって特徴づけられ、複製起点の左右で一本のDNA鎖がリーディング鎖からラギング鎖へと逆転する。リーディング・ラギング鎖間の非対称な変異・選択圧により、リーディング鎖にはGが、ラギング鎖にはCが多くなりやすく、(C-G)/(C+G)によって表されるGC skewをプロットすると複製開始・終結点でこのグラフがシフトする現象が見られる。我々はこの複製による変異・選択圧を、フーリエパワースペクトルによるグラフの形の評価と、塩基組成勾配のユークリッド距離を組み合わせることで定量化する手法 GC Skew Index (GCSI) を考案した。GCSIを用いることで、複製がバクテリアゲノム構造に与える影響を定量的に評価し、比較解析を行うことが可能であり、これにより(i) 真正細菌と古細菌との間の複製機構の違い、(ii) ローリングサークル型プラスミドと他のプラスミドとの間の複製機構の違い、および(iii) プラスミドとその宿主染色体との間の複製変異圧の相関を示す。

ワークショップ: WS7

全ゲノム配列時代の進化研究

企画要旨：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る。最近、次世代シーケンサの開発やコンピュータの高速化などの技術革新もあり、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となった。しかし、比較ゲノム研究を進めるためには、大量データの取り扱いや、データ解析法の開発など、様々な問題を解決して行く必要がある。このワークショップでは、全ゲノム規模の比較ゲノム研究の最新の進化研究を紹介する。同時に、全ゲノム規模の比較ゲノムの研究に関する様々な問題について取り上げることで、今後の進化学と比較ゲノム研究の進む方向を議論したい。

【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（独立行政法人 理化学研究所 次世代計算科学研究開発プログラム）

ゲノムデータは膨大です。種間・種内ともに違いがあります。たとえば、ヒトは2倍体であり、ゲノム配列は全部で約6GBあります。バイオバンクジャパンプロジェクトでは、数万人に対して、一塩基多型があるサイトを選び、遺伝型を決め、疾患と遺伝子の関係を解析しています。海外では、1000人分の全ゲノム配列を決定するプロジェクトも始まっています。ガン細胞ゲノムを正常細胞ゲノムと比較することも行われています。また、ヒトに限らず様々な生物でゲノムの大規模解析が始まっています。大量のデータ解析には高速計算が不可欠です。現在、次世代スパコンと呼ばれる、普通のパソコンの数十万倍の計算能力を持つスーパーコンピュータが建設されています。そのなかで僕は、表現型と遺伝子頻度の関連をゲノム全体に渡って検定する、ゲノムワイド関連解析ためのプログラムparaHaploを開発しています。今回のワークショップでは、大量のゲノムデータを分割し、大量の計算ユニット上で解析を行う方法についても解説し、大量ゲノム解析の将来の方向性の議論へとつなげたいと思います。

【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⁴、藤山秋佐夫^{4,5}（¹理研・基幹研・システム計算生物学G、²東北大・医・がんコアセンター・細胞制御、³遺伝研・生物遺伝資源情報、⁴遺伝研・比較ゲノム解析、⁵情報研・情報学）

我々は、哺乳類における染色体の構造変化とゲノムの進化に興味を持ち、霊長類を中心に、主に21番（常染色体）とY（性染色体）染色体について、ゲノム配列決定と比較解析を行ってきた。これまでに、ヒトとチンパンジーの21番、Y染色体の比較解析から、遺伝子領域を含む様々な領域における種特異的または染色体特異的な構造変化を見いだした。最近縁種であるヒトとチンパンジーの比較から明らかになったゲノム進化の様相が、普遍的な現象であるかを調べるために、現在、解析対象生物を増やし、研究を続けている。これらの研究では、まず、染色体構造の把握、次に、染色体全領域における高精度な塩基配列データが必要であるが、従来のゲノム地図作製と階層的ショットガン法による配列決定では、かなりの労力とコストが必要となる。そこで我々は、近年、ゲノム科学の分野で実用化されてきた次世代シーケンサー（Solexa）と染色体ソーティングを組み合わせた手法を用いて、ヒトリンパ芽球様細胞GM130B由来の21番とY染色体の概要配列決定を試みた。本大会では、我々が進めている染色体特化型ゲノム解析手法の有用性と今後の展望について議論したい。

【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¹ (1)遺伝研・進化遺伝)

次世代シーケンサーの登場などによる塩基配列解析技術の発達により、これまで主に種間レベルで行われてきたゲノム比較を、種内レベルで行うことが可能になってきた。集団レベルでのゲノム解析を行う場合には、有性生殖をおこなう生物に特徴的な遺伝的組み換えという現象が遺伝子の系統関係に大きな影響を与える。組み換えられたゲノムの断片は長期的にはそれぞれ独立に集団内での頻度を変え、集団間の移住を行う。したがって、これから増えてくる多くの集団ゲノムを解析する研究では、組み換えの影響を考慮した方法が必要になってくる。特に進化生態学では、歴史的にその簡便性から、組み換えを行わないミトコンドリアの塩基配列が生物の多様性を解析するのに用いられてきたが、その系統関係は遺伝的浮動の影響を非常に受けやすい。反対に、多数の座位をそれぞれ独立して動くユニットと考えれば、比較的少数のサンプルからより正確に集団の歴史を推定することができる。本発表では、上記の点を考察するとともに、演者が最近発表した、植物から得られたマルチローカスデータを用いて遺伝子系統樹と種の系統樹の不一致を検定する方法について紹介する。

【WS7-4】 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・生命理工)

ワークショップ: 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～

企画要旨：真核生物のゲノム上では頻繁に遺伝子重複が起きているが、重複遺伝子が生物進化にどのように貢献しているかは未知の部分が多い。遺伝子重複後に起こる機能分化は明らかに生物進化にかかわる現象であるため、その進化メカニズムを理解することは重要である。一方で、重複遺伝子の冗長性による相同な遺伝子のバックアップ機能も報告されており、理論研究を含めた詳細な検討が必要となってきている。また、生物をシステムとして捉えた時、遺伝子重複による遺伝子量増加がシステムを攪乱する影響も考慮せねばならない。このような背景の中で、重複遺伝子の進化研究を精力的に進めている研究者を招待し、重複遺伝子の理解を深めたい。

【WS8-1】 重複遺伝子の冗長性と異機能性

花田 耕介 (理研・PSC)

高等生物のゲノムに含まれる多くの重複遺伝子が、生物の形態進化にどのように関わってきたかを理解することは進化生物学の大きな疑問である。そこで、重複遺伝子を数多く持つ植物のモデル生物であるシロイヌナズナを用いて、異機能性と冗長性を示す重複遺伝子間の分子レベルの変化を調べた。異機能性を調べるために、シロイヌナズナの重複した2つの各遺伝子を欠損した時に生じる形態変化の情報を集め、各重複遺伝子対について分子レベルの変化率を調べた。その結果、形態分離性が大きくなるにつれて、発現部位の変化率とタンパク質の変化率の両方が高くなることを明らかにした。次に、一般的な重複遺伝子の異機能性を調べるために、無作為に集めた重複遺伝子の発現部位の変化率とタンパク質の変化率を推定したところ、これらの変化率は形態分離性がほとんどない重複遺伝子対の変化率と類似していた。この結果は、シロイヌナズナでは、機能的に冗長性の強い重複遺伝子が多くを示していることを示している。そこで、冗長性を保存する自然選択圧が存在するかを調べるために、様々な機能を冗長している重複遺伝子間の非同義置換・同義置換率を調べた。その結果、重篤な表現型を引き起こす機能を冗長している重複遺伝子間では、重篤でない表現型を引き起こす機能を冗長している重複遺伝子間に比べ、非同義置換・同義置換率が有意に低くなっていることを明らかにした。これらの結果は、シロイヌナズナでは、重篤な表現型に対しての遺伝的頑健性に重複遺伝子が関わっていることを示していた。

【WS8-2】 硬骨魚のオブシン遺伝子群の遺伝子重複とその適応的役割

○五條堀淳¹ (総研大・葉山)

遺伝子重複は適応進化において重要な役割を果たして来たと考えられている。遺伝子重複によって生じた遺伝子が、集団内に固定し長期的に維持されるかどうかは正の自然選択等の要因によって左右される。硬骨魚のオブシン遺伝子族 (SWS1, SWS2, RH2, LWS) は硬骨魚の系統で遺伝子重複が繰り返し生じている事が知られている。本研究では、これらの硬骨魚オブシン遺伝子の重複の程度と視覚の適応との関連を解析した。その結果、硬骨魚ではSWS2とRH2の遺伝子族はSWS1とLWSに比べてより多くのコピーを持ち、パラログ遺伝子間での遺伝的分化が大きい事が示された。さらにSWS2とRH2の遺伝子重複の回数は、SWS1とLWSのそれとあまり変わらないが、SWS2とRH2の遺伝子重複の時期はより古い事が示された。また、遺伝子のコピー数と魚の体色との間に相関が見られた。以上の事から、オブシン遺伝子族の中でもSWS2とRH2の遺伝子重複は長期的な進化において重要な役割を果たした事が示された。

【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¹ (東京医科歯科大・難研)

嗅覚は、動物の生存に必須の重要な感覚である。環境中の多様な匂い分子は、嗅上皮の感覚ニューロンで発現している嗅覚受容体 (olfactory receptor, OR) によって検出される。OR遺伝子は脊椎動物最大の遺伝子ファミリーを形成しており、遺伝子重複による生物進化を考える上で非常に興味深いシステムである。様々な生物種の全ゲノム配列を用いた大規模解析の結果、OR遺伝子の数は、ラットで約1200個、ヒトを含む高等霊長類では300~400個、ゼブラフィッシュで約150個、最も原始的な脊索動物であるナメクジウオで約30個、ホヤでは0個という具合に、種によって大きく異なることが明らかになった。また、その遺伝子レパートリーは、それぞれの生物種の生存環境に応じてダイナミックに変化してきたことも示唆された。本講演では、ナメクジウオからヒトに至るOR遺伝子ファミリーの進化について明らかになったことを、他の感覚、特に色覚系の遺伝子と対比させながら論じてみたい。

【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（岡大・異分野コア）

遺伝子のコピー数が増えると遺伝子の発現量が増える。この発現量の増が細胞システムのロバストネスの限界を超えると細胞は様々な異常をきたす。私たちは酵母をモデル細胞として、遺伝子綱引き（gTOW）法と名付けた実験法により、「特定の遺伝子のコピー数の増に対して細胞システムがどこまで耐えられるか」を測定している（PLoS genetics, 2006）。さらにこれまでの解析から、フォスファターゼ遺伝子CDC14の上限コピー数が著しく低い（2コピー以下）原因が、その阻害因子NET1との量的不均衡に由来していることを明らかにしている（PLoS genetics, 2010）。最近、gTOW実験を出芽酵母が持つ6000のすべての遺伝子について行ない、限界コピー数が著しく低い遺伝子を複数同定した。分子生物学的な知識から、これらの遺伝子についてもCDC14と同様、パートナーとなる遺伝子との量的不均衡が上限コピー数の低い原因となっていることが予想された。もしこの予測が正しければ、「遺伝子量バランスがゲノムの安定性の監視役となる」という、ゲノムの骨格ともいべき新たな機構の存在を示唆している。

【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・院生命科学、²Trinity College Dublin）

脊椎動物初期進化で全ゲノム重複(WGD)が起きたことが知られている。WGD直後は全ての遺伝子が冗長であるため、進化の過程で大規模な遺伝子消失が起きたと推察される。ところが、ヒト遺伝子の約30%がWGD後も消失せずにゲノム上に留まった遺伝子(オノログ)である。WGDが脊椎動物の進化へ与えた影響は非常に大きなものであったに違いないが、オノログの保持機構については不明な点が多い。WGD直後は全ての遺伝子が倍加するため相対的な遺伝子量に変化がなく、本来、遺伝子数を増減させにくい遺伝子(量的均衡遺伝子)もWGDでは有害な影響を受けずに遺伝子を重複させるはずである。その後、量的均衡遺伝子は遺伝子量を維持するため、重複した遺伝子コピーを消失させることなくゲノム上に留まったのではないかと考えた。そこで我々は、ヒト遺伝子の脊椎動物進化過程における重複パターン及びヒト集団内におけるコピー数多型を調査し、オノログが量的均衡遺伝子である傾向を見出した。また、オノログには多くの疾患関連遺伝子が含まれており、特にこれまでに知られている21番染色体上のダウン症候群関連遺伝子の75%がオノログであることが分かった。

【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（国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門）

遺伝子重複は、新しい遺伝子が進化する素材を生み出す過程として重要と考えられるが、一方で、重複による産物量の増加そのものが進化的効果をもたらす可能性もある。この産物量増加の効果は、転写・翻訳関連遺伝子や構造タンパク質遺伝子の多重性を説明する上でしばしば言及される。しかし、産物量増加が、代謝やシグナル伝達などの系全体の挙動や機能にもたらす効果は、ほとんど検討されてこなかった。本発表はまず、脊椎動物の嗅覚シグナル伝達（OST）に関与するフォスフォジエステラーゼ1C（PDE1C）が、魚類のイトヨで高度に多重化してきたことを示す。次にこのPDE1Cの多重化が、OSTの機能に及ぼす効果をパスウェイシミュレーションから検討した試みを紹介する。RT-PCRによる発現解析から、イトヨのOSTではPDE1Cの産物量が増加していることが示唆された。Cell Illustrator 3.0によるOSTのシミュレーション解析から、PDE1C産物量の増加は、OSTが出力する脱分極シグナルを延長させることが示唆された。この効果は、マウス行動学の知見に基づく推測から、イトヨのなわばり行動と関連している可能性がある。

【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・学融）

ゲノム中には多くの重複遺伝子が存在することが多くの種で知られている。これらの重複遺伝子はゲノムが新規機能を獲得するための素材となっているという説が提唱されている。すなわち重複遺伝子の進化過程の解明は、ゲノム進化のメカニズムを明らかにすることにもつながる。重複をおこした遺伝子間では遺伝子変換などのメカニズムが働き、配列の相同性が保たれる協調進化という進化をおこす。この独特な進化プロセスについて理論的に研究を行い、以下のような知見を得た。重複遺伝子間の変異量は、突然変異による変異の導入と遺伝子変換による均一化のバランスによって決定される。この平衡状態は何らかの理由により遺伝子変換がおこらなくなるまで継続する。ひとたび遺伝子変換がなくなるとそれぞれの遺伝子は独立に変異を蓄積し進化する。また、突然変異により重複遺伝子の片方に生存に有利な新機能が導入された場合、変異を維持するように自然選択が働く。しかしその影響は変異サイト近傍に限られる。その結果、遺伝的変異が機能部位の近辺のみに集中するという独特の空間分布を形成する。これらの理論的な研究結果は実際のデータを解析にも有用である。

【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・遺伝学専攻）

近年、多くの生物種の塩基配列情報の蓄積により、遺伝子重複や遺伝子数多型が多く存在することが明らかになった。全ゲノム重複とは異なり、単一遺伝子重複の場合、重複遺伝子の出現後、その多くがすみやかに集団中から消失する。そのため、固定に至るプロセスが重要となる。これまで、このプロセスは機能的な遺伝子が1コピーあれば十分とするモデルを用いて解析されてきたが、劣性致死突然変異の多くはヘテロでも有害であることが知られている。そこで突然変異の優性の度合いを考慮したモデルで解析した結果、集団サイズや組み換え率と同様に、優性の度合いが増加することで、重複遺伝子が両方とも機能を有した状態で固定する確率は漸近的に上昇し、優性の度合いが2-3%で最大固定確率（遺伝子あたりの機能喪失型の突然変異率の2倍）に達した。また優性の度合いの効果により、重複遺伝子の冗長性は固定後も長い時間維持されることも判明した。固定確率及び重複遺伝子の冗長性の維持に与える優性の度合いの効果は、新規遺伝子機能を獲得するうえで大きな役割を果たしてきたと考えられる。

ワークショップ: WS9

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

企画要旨：最近、ヒトのゲノム多様性の研究が急速に進み疾患リスクを示す数多くの一塩基多型（SNP）あるいはコピー数多型（CNV）などが見つかってきている。何故ヒトはそんなにも多くの「危ない」多型をゲノムに内包しているのだろうか？現生人類は約10万年前アフリカから拡散（Out-of-Africa）した新種である。メンデル遺伝をする疾患の場合、そのリスク・アレルは、ヒトの歴史の中で見ると、ごく最近生じたと考えられる一方、多因子疾患のリスク・アレルは、長い間かけて蓄積されてきたアレルの1つであると考えられる。本ワークショップでは、こうしたヒトの進化に立場から、遺伝性を示す疾患のメカニズム解明に取り組む研究者が話題を提供し「進化学の目で見ると新たなアプローチ」について議論する。

【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）

従来の医学では、健康が「正常」、病気が「異常」であり、人体という精密機械に不備が生じた状態が病気と考えられてきた。そこには、動物の一種であるヒトが、どのような進化の道筋を経てこのようなからだを持つようになったのかという、進化的視点は含まれていなかった。それに対し、1990年代半ばから、ヒトの進化史を参照して、病気などが生じる究極要因を解明しようという、進化医学が探求されるようになってきた。つまり、病気の生理学機序など至近要因のみならず、なぜこのような状態が存在するのかの究極要因を考えようという動きである。このことは、治療方法の選択にも大きな違いをもたらす、画期的な視点の変化であると言える。進化的視点を加えると、1) 人体は、パラサイトの感染に対して、どのように反応するように進化してきたのか、2) 過去の人類進化の過程で人体の適応が作られてきた環境と、急速に変化した現代の環境とのずれに起因するものとして、どのような状態が出現するか、3) 単に「異常」と考えられていた状態が、実は進化的には他の意味を持っているのではないか、など、新たな研究課題が生まれる。いくつかの例とともに、検討したい。

【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・院人間総合科学研究科）

SNP (single nucleotide polymorphism) チップを用いた大規模ゲノムワイド関連解析により、様々なありふれた疾患の感受性遺伝子（変異）が同定されている。しかし、マイナーアレル頻度の高いSNPマーカーを用いた連鎖不平衡マッピングでは、アレル頻度の低い、未知の感受性変異を同定することは困難である。実際に、ゲノムワイドSNP関連解析によって同定される、疾患感受性変異のアレル頻度は5%以上であり、統計学的に極めて有意な関連はあるが、その疾患発症リスクは低い（オッズ比で1.2~1.4程度）ものがほとんどである。また、ゲノムワイドSNP関連解析によって同定されたリスクアレルのみでは、疾患発症に与える遺伝的寄与を十分に説明できないことも明らかになり、さらなる疾患関連遺伝子の探索が必要と考えられている。全ゲノム配列再解析を行うことにより、ゲノムワイドSNP関連解析では検出することができなかった、アレル頻度は低いが、高いリスクを有する新規感受性変異（低頻度有害変異）を発見すると期待されている。本発表では、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る。

【WS9-3】 クロウン病アレルの地域特異性とその進化的考察

○中込滋樹（北里大学・医）

クローン病は多因子疾患の1つであり、症状としては消化管全体で断続的に慢性的な炎症がみられる。地域集団によって発症率が大きく異なり、特にヨーロッパ人における発症率が顕著に高い。そのため、主にヨーロッパ人の患者と健常者を用いて全ゲノム相関解析が行われ、30個以上の原因候補遺伝子座が報告されている。しかし、これまでの研究からヨーロッパ人において同定された疾患アレルが、日本人では疾患と関係しない場合や多型そのものが存在しない場合があることが明らかになっている。本発表では、人類集団の出アフリカ拡散に伴う複雑な移動の歴史や環境変動の中でクローン病原因アレルが拡がった進化的背景を明らかにする目的で、クローン病原因アレルを含むゲノム領域の遺伝的多様性を人類集団間で比較した結果を報告する。疾患アレルが位置するハプロタイプの頻度変動を調べたところ、クローン病原因アレルの多くは遺伝的浮動によって集団中に拡がったことが示された。その一方で、一部の疾患アレルは自然選択によって拡がった可能性が示された。これらの結果は多因子疾患を人類進化の観点からとらえ直すことの重要性を示唆している。

【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 / ¹統数研、²国立国際医療研究センター、³名古屋市大・医）

疾患のリスクアレルがヒト集団に維持される理由の仮説のうち、鎌形赤血球貧血とマラリア抵抗性によってよく知られるパラサイトからの防御は最も重要なもののひとつであると思われる。ウイルス性肝炎の理解は、感染の帰結が肝臓につながるため、臨床的に非常に重要である。従来、溝上、田中らの研究グループにより、ウイルスゲノムの分子系統樹上の位置(型)が肝臓の重要な予測因子であることが明らかにされてきており、ウイルスの進化がヒトの疾患に直接に影響する例として、進化的にも興味深い。さらに昨年、同じ型のC型肝炎ウイルスに感染した患者群について、ヒトゲノムのサイトカイン(IL28)の多型が治療効果の重要な予測因子であることが明らかになった。本講演では、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させて頂きたい。

【WS9-5】 統合失調症の原因を進化的手法で探る

○柴田弘紀（九大・生医研）

統合失調症は、遺伝要因が強く関与する多因子病であるが、地域や集団に関わらず均一かつ高頻度（1%）に出現するきわめて特異な疾患である。若年で発症後、その精神症状から罹患者は子孫をもつことが極めて困難になるため、感受性遺伝子変異（疾患に罹りやすくする遺伝子変異）が平衡選択等の非中立的過程によって集団内に維持されている可能性が指摘されている。そこで我々は、これまでに報告された多くの統合失調症感受性遺伝子について、ダイレクトシーケンスによる全変異検出と集団遺伝学的手法による自然選択の検出を行い、平衡選択仮説の検証を行っている。これまでの解析で、グルタミン酸受容体遺伝子の1つGRIN2Bの統合失調症感受性変異の存在する領域において、強い平衡選択のシグナルを検出した。またこの領域のハプロタイプの分岐年代は100万年以上前であると推定した。さらにドーパミンの代謝に関わる酵素の遺伝子COMTについても、統合失調症感受性変異周辺で同様の平衡選択を検出した。これらの統合失調症感受性変異をヒト集団中に維持してきた平衡選択は、統合失調症および高次脳機能に関連する表現型をターゲットとしてきたことが示唆された。

ワークショップ: WS10

ゲノム進化学の新展開

企画要旨：シーケンシング技術の進歩によるゲノムデータの蓄積により、集団遺伝学における種内の多型や分子進化学における種間の相違の研究を、ゲノム全体を対象として行うことが当たり前になった。また、蛋白質間相互作用ネットワーク、遺伝子発現プロファイル、RNAエディティング、さらにはエピゲノミクスなどに関する大規模データも蓄積されてきており、これらを組み合わせ合わせた解析により新たな進化学的知見が得られてきている。本ワークショップにおいては、このようなゲノム進化学の発展により明らかになってきた最新の知見を、集団遺伝学や分子進化学などの分野の最前線で活躍されておられる日米の研究者にお話しいただき、今後の展望を議論する。

【WS10-1】 ゲノム進化学の新展開

鈴木 善幸（遺伝研・生情）

本講演においては、ゲノム進化学に関連した2つの話題を提供したい。一つ目は、哺乳類のゲノムに挿入されているポルナウイルスN遺伝子様配列（EBLN）の発見である。霊長類では約4000万年前以前に、げっ歯類では約850万年前以後に挿入されたと推定された。EBLNのいくつかは細胞株で発現が認められており、その生物学的機能を明らかにすることにより、ウイルスが宿主の進化に与えた直接的な影響を知ることができると考えられる。二つ目は、CpG高突然変異性を考慮した新しい同義置換数・非同義置換数推定法の開発である。脊椎動物や植物ではCpGで突然変異率が高くなっており、塩基置換推定に偏りを生じさせる可能性がある。とくに、同義置換数・非同義置換数推定においては、CpG高突然変異性を考慮しないと、コドンの組成によって正・負の自然選択圧を誤って検出することがある。CpG高突然変異性を考慮するためには、解析の単位を、従来のコドンから、ゲノムにおいてコドンの両隣に接した1塩基も含めた5塩基とする必要がある。

【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（国立遺伝研・集団遺伝）

発生制御転写調節遺伝子周辺の遺伝子間領域には密に進化的高度保存配列（CNE）が存在する。その中から、驚くべきことに5億年以上前に脊椎動物の共通祖先で起きたゲノム重複の結果生じたと考えられるパラログ間CNEが見つかった。ForceとLynchによって提唱されたDDCモデルによれば、重複遺伝子間の冗長な機能は速やかにパラログ間で分配されCNEの配列相同性は失われるはずでこのデータの説明が難しい。私たちはゲノム重複によって生じたGsh1、Gsh2遺伝子の間にこのようなパラログ間保存CNEを発見しその機能を解析してきた。その結果、これらはお互いに似た組織特異性を示すエンハンサーであることが判明し、確かに配列だけでなくその機能も保存されていることが確認された。Gsh1ノックアウトマウスではGsh2遺伝子の発現レベルが上昇することで失われたGsh1遺伝子の機能を補うような振る舞いをすることが知られている。このことから環境や確率的なノイズにより発現変動を抑えるロバストなシステムの存在を踏まえ、実験結果と良く合致する重複遺伝子維持機構のモデルを考察する。

【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・基盤）

本発表では、イネ属AAゲノム種内の比較ゲノム解析について報告する。まず我々は、アフリカ栽培イネである*Oryza glaberrima*とアジア栽培イネである*O. sativa*（日本晴）のゲノム塩基配列を比較した。日本晴ゲノムで18%に相当する領域でアラインメントを作成、非エクソン領域のみから40 kbの非重複ウィンドウを切り出して置換数を計算した。置換数の分布は、置換速度が完全に均一であればポワソン分布に従うはずであるが、実際の分布は期待されたものから大きくずれていることが分かった。置換速度が不均一でガンマ分布に従うというモデルを仮定すると、置換の分布は負の二項分布に従う。ガンマ分布の形状パラメータは、データが負の二項分布に従うとすると平均と分散を用いて推定できる。期待される分布と実データを比較したところ、単純なポワソン分布のモデルよりもはるかによく一致することが分かった。更に、もし種間交雑があるとすると置換の分布はより複雑になるはずである。日本型とインド型のアジア栽培イネ間で交雑に由来するゲノム量を、前述の負の二項分布モデルを仮定しながら最尤法で推定したので、あわせて報告する。

【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^{1,2}、郷 通子^{3,4,5} (1お茶大・院理、2お茶大・生命情報セ、3情報・システム機構、4長浜バイオ大、5東京医科歯科大)

陸上植物オルガネラでは、転写されたmRNAの塩基が部位特異的に変換される場合が多々ある。RNAエディティングとよばれるこの現象では、主にコドンの2文字目が編集されるため、コードされているタンパク質のアミノ酸の性質がDNAから予測されるそれとは異なってくる。エディティングが正しく行われず、mRNAから翻訳されたタンパク質が正しく機能しない例は報告されているが、エディティングがタンパク質の機能とどのように関わっているのか、エディティング部位はどのように認識されるのか、および植物オルガネラのエディティングの起源は明らかになっていない。そこで我々は、実験的にRNAエディティング部位が明らかになっている植物オルガネラのRNAとコードされているタンパク質構造の情報とのデータベースを構築し、上記の問題に挑戦している。収集したデータをもとに、エディティングによって変化するアミノ酸残基はタンパク質立体構造のコア形成に関わる場合が非常に多いこと、およびエディティング部位周辺の塩基配列が数種類のグループに分類できることを明らかにしてきた。

【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学)

蒙古野馬 (*Equus przewalskii*)は現存する唯一の野生馬で、かつてモンゴル周辺に棲息していた。野生下では一度絶滅したが、飼育個体の子孫を野生に戻す試みが現在各地で続けられている。蒙古野馬は家畜馬 (*E. caballus*) と非常に近縁であると考えられているが未だ結論には至っていない。そこで本研究では、この二種の遺伝的系統関係を解明するため、現存する4つの母系それぞれに由来する4個体の蒙古野馬について、次世代シーケンサーを用いゲノム規模で塩基配列を決定し、進化的解析を行った。その結果、蒙古野馬には2つの大きく異なるミトコンドリアハプロタイプが存在し、その分岐年代は11~18万年前と推定された。これは家畜馬のハプロタイプ間の分岐年代よりも古いことから、蒙古野馬が家畜馬の祖先種であることが示唆された。また蒙古野馬の種内変異量は常染色体が0.20%、X染色体が0.18%と、個体数が激減し(13個体)、近親交配が進んだにもかかわらず、ある程度の遺伝的多様性が保持されていることがわかった。これらの結果をもとに、馬の家畜化過程・蒙古野馬の遺伝的多様性の保全について議論したい。

【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)

哺乳類はミルクを唯一の栄養源として新生児期を過ごす。とくに、ミルクに含まれるカルシウムは、乳児の骨や歯の形成に必須である。ミルクが大量のカルシウムを含んでいるのは、カゼインとの相互作用により、ミセルを形成するためである。カゼインは、いくつかの異なるタンパク質からなるが、大量のカルシウムと結合するものと、ミセル構造の安定化に必要なものの二種類に分類できる。このどちらも、特定のアミノ酸配列を機能上必要とせず、進化速度が極めて速いため、配列の比較による進化的な考察は、困難であった。そこで、遺伝子構造などの比較により、進化過程を解析した。この結果、それぞれのカゼインの祖先遺伝子を哺乳類およびトカゲのゲノム中に発見した。また、これら二個の祖先遺伝子は、歯のエナメル質の形成に必要な共通祖先遺伝子から、重複を繰り返して生じたこともわかった。以上の解析から、各カゼインの祖先は、ミルクの起源よりはるか以前、すでに現在のカゼインと類似した生化学的特徴をもっていたことが示唆された。哺乳類に象徴的なカゼイン遺伝子は、祖先遺伝子の僅かな修飾により生じ、カルシウムを多く含むミルクが進化してきたと考えられる。

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

企画要旨：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、地質学、地球化学、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、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、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、それぞれの研究分野の現状を発表してもらうことにより、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す。

【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）

どのような原因で地球上の生命が利用するアミノ酸が左型に限られているのか、という謎は、生命の起源を解明する上で重要な問題である。宇宙空間でアミノ酸の鏡像異性体に偏りを生じさせるメカニズムの中で有力視されているのが、星形成領域における円偏光の照射である。我々は、有名な星形成領域であるオリオン大星雲の中心部を近赤外線観測し、円偏光をもつ赤外線光が若い大質量星の周りに太陽系の400倍以上もの大きさに広がっていることを発見した。逆に、観測領域内の小質量星の周りでは円偏光は検出されなかった。我々の太陽系もまた大質量星の近くで形成したことを考慮すると、形成時に若い大質量星の周辺に円偏光にさらされたことが原因で、太陽系には左型アミノ酸が卓越し、その偏りが隕石などによって地球にもたらされたことが示唆される。本研究はOrigins of Life and Evolution of Biospheresにて出版された（Fukue, Tamura, Kandori et al. 2010）。

【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（横浜国大・院工）

宇宙から生命の胚種が地球にもたらされたとするパンスペルミア説に対し、生命誕生に用いられた有機物が地球外から供給された「準パンスペルミア」の可能性も議論されている。隕石や彗星中にアミノ酸（前駆体）を含む複雑な有機物が検出され、さらに隕石中の一部のアミノ酸にL体のエナンチオ過剰がみられたことも、生命の起源への地球外有機物の寄与の可能性を示す。これらの有機物は太陽系生成前に、分子雲中でメタノール・アンモニアなどを含む星間塵に宇宙線等が作用して生成した可能性が考えられる。われわれは、この仮説に基づき、星間塵を模した氷に重粒子線を照射することにより、高分子態のアミノ酸前駆体が生成することを見いだした。

地球外有機物の地球への伝搬に関して、隕石や彗星よりも微細な宇宙塵は、より安全に有機物を地球に届けられたとされる。しかし、宇宙塵中にどのような有機物が含まれているかは未だ不明である。われわれは国際宇宙ステーション曝露部で、宇宙塵の採取や、有機物や微生物の曝露を行う「たんぼぼ計画」を計画している。地球圏外で採取した宇宙塵有機物の分析により、準パンスペルミアの可能性を検証する予定である。

【WS11-3】 自律的に成長・分裂する脂質膜

○豊田太郎¹（¹東大・院・総合文化）

生命体を覆う境界膜のダイナミクスや機能は、最初の生命体が誕生してから現在の生物圏が形成される過程で重要であり、多くの種類の脂質分子や膜タンパク質が協同的にはたらい初めて維持される。境界膜のダイナミクスの中でも、成長・分裂は生命体の自己複製に欠かせないものである。これまではタンパク質が脂質膜のダイナミクスを複合的に制御するものと考えられてきたが、そのみでは数マイクロメートルの分子集合体である袋状脂質膜のダイナミクスの制御を説明することは難しい。そこで、私を含む研究グループは、脂質膜のみで自律的に成長・分裂するダイナミクスを構成することを着想した。30億年以上かけてうみだされてきた天然の脂質分子に学びつつ、半日程度で化学反応がおわるように人工の脂質分子を設計・合成した。この分子群を用いて水中で細胞サイズの人工脂質膜（ジャイアントベシクルとよぶ）をつくり、脂質分子前駆体を添加したところ、ジャイアントベシクルの成長・分裂が繰り返し誘導されることを光学顕微鏡および細胞流れ分析装置で見出した。本研究成果は、タンパク質が存在せずとも脂質膜が増殖できることを実験的に示したのものとして大変興味深い。

【WS11-4】 核酸塩基の起源-人工塩基対の創出

○平尾一郎（理化学研究所・生命分子システム基盤研究領域）

遺伝情報分子である核酸は、塩基、糖、リン酸を構成要素とするヌクレオチドが重合した高分子である。これらの構成要素の中で、4種類の塩基（A、G、C、T（あるいはU））は、おそらく、生命が地球上に誕生する以前に存在し、数十億年を経た今日に至るまで塩基の基本構造は変化していないと思われる。それではこれら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？ 遺伝情報分子の複製と情報の発現には、A-TとG-Cの塩基対の法則が不可欠であるが、果たしてこのような特性を持つ分子が他にも存在するのだろうか？

我々の研究室では、複製と情報発現を可能にする人工核酸を創出する研究の一環として、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を作り出す研究を進めている。そして、最近では複製や転写で機能する人工塩基対（Ds-Px塩基対など）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を示している。本ワークショップでは、人工塩基対の研究を紹介すると共に核酸塩基の起源について議論したい。

【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・院総理）

生命は20種類のアミノ酸を指定する「普遍」遺伝暗号表によってタンパク質を合成する。20種類のアミノ酸がコドンへ割り当てられる様式が普遍遺伝暗号表と異なる事例については、ミトコンドリアなどで知見が蓄積してきていた。しかし20種類以外のアミノ酸を使用する遺伝暗号については、近年まで知られていなかった。このため、なぜ20種類のアミノ酸が遺伝暗号に記されるようになったのか、ということについて考察するための実験材料については不足していた。近年、21番目のアミノ酸に対応するアミノアシルtRNA合成酵素の創出や天然の生物からの発見によって、21種類目のアミノ酸を使用する拡張遺伝暗号の存在が知られるようになり、遺伝暗号の進化についての議論が深まってきている。同様に、20種類未満のアミノ酸のみを使用する「単純化遺伝暗号」の研究も、遺伝暗号の起源と進化にせまるための重要なテーマである。我々はこれまでに、例えば、本来トリプトファンをコードするUGGがセリンを指定するように、20種類未満のアミノ酸のみをコードする、種々の単純化遺伝暗号表の構築に成功している。本発表ではこれらの暗号表について紹介する。

【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・生命）

今から45.6億年前、地球が誕生してから5億年ほどの間に生命は誕生したと考えられています。地球上に残された証拠としては38億年前頃の炭素同位体化石、35億年前頃の細胞の微化石が残されています。1953年ミラーの実験以来多くの実験が行われ、生物誕生前にも有機物の合成が進行した可能性は十分あります。一方、現存する生物の研究から、DNAを遺伝子としてもつ生物の誕生以前に、RNAを遺伝子として持つ生物がいたと広く信じられています。また、現存する生物の遺伝子の解析から、全生物の共通祖先の遺伝情報を推定することも可能になってきています。しかし、DNAやRNAが本当に地球上でできたのでしょうか？ 生命の起原までには多くの謎があり、まだ全体像は見えていません。どのような可能性があるのか皆さんと考えたいと思います。

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ー生命システムのもつ'やわらかさ'との邂逅

企画要旨：近年、生態－進化－発生の融合を目論んだ研究領域 (Eco-Evo-Devo) が進展しつつある。この異なる時間・空間スケールに生じる現象を理解するためには、階層にまたがったダイナミクスが本質的に重要になる。すなわち、淘汰は発生プログラムを選ぶ一方で発生プログラムは進化の道筋にバイアスを与え、あるいは、環境は個体間の関係に影響を及ぼしつつも個体間の関係はまた環境をも変えうる。そこでは、部分から全体への一方通行の理解だけではなく、全体から部分への作用も含めた双方向からの理解が必要となることは疑いもない。この双方向性こそが、'複雑な'システムの理解には欠かせないと我々は主張してきた。本ワークショップでは、網羅的解析、定量的計測、新規のモデル動物の構築といった新たな技術を取り入れた実験や、計算機シミュレーション、力学系、統計力学の成果に基づいた理論研究の進展を中心に話題を提供する。

【WS12-1】 可塑性と遺伝的同化のゆらぎ理論

金子邦彦 (東大総合文化)

表現型の可塑性とロバストネスが進化しやすさ (evolvability) といかに関係するか、またこれらが進化とともにどう変化するかは古来の大問題であり、これまで Waddington により canalization、遺伝的同化の概念が提唱されてきた。では、これらの問題をいかにして定量的次元にのせられるだろうか。我々は (同一遺伝子型個体間の、発生ノイズによる) 表現型揺らぎ (分散) V_{ip} に着目し、それが可塑性、進化速度と比例することを示してきた。本講演では、分布関数の安定性理論と遺伝子ネットワークの進化シミュレーションにより以下を示す。(1) 遺伝子変異による表現型揺らぎ (分散) V_g と V_{ip} が、安定した進化過程では比例して減少し、ロバストネスが増す。これは発生過程でのノイズに対する安定性が突然変異への安定性をもたらす進化過程として理解できる(2) 多くの形質 (遺伝子発現) i に対するそれぞれの分散 $V_{ip}(i)$ と $V_g(i)$ が比例する (3) この比 $r = V_g(i)/V_{ip}(i)$ はロバストな表現型では 1 より小さく、一方で 1 に近づくにつれ可塑性が増す (4) 環境変動に対する可塑性は V_{ip} と上記の比 r により表現され、実際、環境変動下ではこれらは上昇する。(参考文献：生命とは何か第2版、東大出版会2009、システムバイオロジー第3章、岩波2010)

【WS12-2】 遺伝子発現の適応

四方哲也 (阪大・バイオ情報、ERATO・JST)

同じ遺伝型から確率的に生じる表現型多様性は生物学的にどのような意味があるのでしょうか？ tet プロモータ支配下で GFP 遺伝子とヒスチジンの合成にかかわる必須遺伝子 (hisC) を共発現するオペロンを大腸菌に組み込んだ。細胞内 GFP 濃度の細胞分布 (ヒストグラム) を調べてみると、集団の相対平均値 1 に対して、0.5 ~ 2 倍程度まで広がって、表現型多様性が見られた。次に、ヒスチジン外部供給のない環境に移してみた。すると、細胞内 GFP 濃度の細胞集団の平均値が 2 倍以上増加した。必須遺伝子の高発現状態をもった細胞が確率的に生じ増殖することによって、細胞集団は必須栄養欠損環境に適応した。同じ環境であっても個々の細胞の遺伝子発現量は完全には規定されず、確率的に変動する。このいい加減さが予期せぬ環境変化に対する柔軟な適応性を確保しているようである。

【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^{1,2}、金山真紀^{1,2}、秋山-小田康子¹ (1)JT生命誌研究館、²大阪大学・院理)

節足動物門において体節はすべてのメンバーに共通の形質であり、保守的に進化してきたと考えられる。しかし、体節を作り出すための発生プログラムは動的に進化する。節足動物の体節形成は、形態の進化的保守性と発生の進化的動態を分析するための優れたモデルである。節足動物の体節形成に関するこれまでの知識のほとんどは、多核性胞胚という特殊な環境で体節形成が進行するショウジョウバエから得られた知識が占めており、細胞化された環境で体節形成が行われる非昆虫節足動物の仕組みを説明しうるものとはなっていない。この問題に取り組むために、私たちはオオヒメグモを新しいモデル生物として開拓し、ショウジョウバエの知識による先入観をできる限り排して表現型スクリーニングに基づいた研究を行ってきた。その結果、オオヒメグモの前後軸形成及び体節形成において、分泌シグナルをコードするヘッジホッグが転写因子をコードするショウジョウバエのピコイドに対応する役割を果たしていることが明らかになった。しかし、オオヒメグモでは、進化的に保存された転写因子によってヘッジホッグシグナルの動態が制御されることも重要であることが考えられた。

【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・北方生物FSC)

環境は個体の形質を変え、個体の形質は環境に作用する。生物間相互作用に応じた個体の可塑的变化は、個体の生存や成長に寄与するとともに相互作用のあり方を変えることで、様々な波及効果をもたらす。本講演では、食う-食われる関係にある2種の両生類幼生の表現型可塑性を例に、動的な相互作用環境のもとで生じる個体の可塑性とその生態学・進化的意味を考察する。エゾサンショウウオの幼生とエゾアカガエルのオタマジャクシは、互いの存在に応じて対抗的な形態変化を示す。サンショウウオ幼生はオタマジャクシを丸呑みすべく大顎化するが、オタマジャクシは丸呑みされないように頭を大きく膨らませるのである。サンショウウオ幼生の大顎化は、オタマジャクシの個体数を減らすだけでなく、発生成長も大幅に遅らせる。他方、オタマジャクシの膨満化は、サンショウウオ幼生の共食いを強めることで、サンショウウオ幼生の密度を減らすとともに形質淘汰にまで影響しうる。このように環境誘導型の表現型可塑性は、群集を構成する生物種の生活史や個体数に深く関与するだけでなく、淘汰圧として形質分布にも作用する可能性がある。

【WS12-5】 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

○鈴木誉保¹、倉谷滋¹ (1)理研・CDB・形態進化)

蝶や蛾の翅の模様は、苔や枯葉などに擬態し巧妙なデザインを獲得している。それらの模様がどのように進化してきたのかを調べることは、興味深い。進化発生学の立場ならば、祖先的に獲得した発生プログラムを2次的に改変して進化したのだと説明するだろう。一方で、集団遺伝学の立場ならば、淘汰が蛾の集団に作用し、結果として有利なものが残ってきたために枯葉模様が生じたのだと説明するだろう。両者の考え方は、それぞれの分野において正しい。しかし、両者を結びつけるような理解はほとんどなされていない。今回、形態統合とモジュール構造 (morphological integration and modularity) という概念を援用し、形態測定法・ネットワーク分析を用いた定量的な解析と比較形態学的手法を用いて、この枯葉模様のもつ機能的な統合構造とその進化的な成立過程について明らかにしたので報告する。

モデル生物として、アジアの温帯地域に生息するヤガ科の蛾であるアカエグリバ (*Oraesia excavata*) を用いた。この蛾は、その前翅に葉脈模様をも模した枯葉模様を呈する。結果、擬態模様のもつ機能的なモジュール構造を明らかにし、また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た。さらに、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、また淘汰が蛾の集団にどのように作用し、その影響が蓄積され、系統に渡る進化を生み出してきたのかについても推定した。最後に、集団レベルの進化と相同性が成立するレベルの進化という、異なる時間スケールにまたがる進化を理解することの重要性や意義についても考えたい。

ワークショップ: WS13

進化発生学の新たな地平をめざして

企画要旨：生物は進化のプロセスで、多くの新規形質を現出させ、創造的な歴史を展開することで、我々を魅了してきた。このような創造的な歴史の背景を考えていきたい。形態進化と遺伝子の進化が1対1で対応するケースは決して一般的ではなく、多くの形質はポリジーンによる影響を受ける一方、逆に遺伝子の多くも多面的な発現をしている。また、集団の変異をマスクして遺伝的変異を蓄積するevolutionary capacitor（進化促進因子）として働く分子も報告されている。さらに、表現型の可塑性が形質進化をリードするという考え方も次第に一般的になりつつある。このような遺伝子型と表現型の複雑な関係の中に、創造性をもたらすようなまだ見ぬロジックがあるのではないかと、考えられる。5人の演者による話題提供の後、会場のオーディエンスと共に模索していきたい。

【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¹、越智陽城¹（¹奈良先端大・バイオ）

脊椎動物のPax2/5/8遺伝子群は、ゲノム重複によって1つの祖先型遺伝子から形成されたパラロググループであり、中脳後脳の境界や前腎において部分的に重複して発現する。カエルの高効率トランスジェニックシステムを用いて、Pax2/5/8遺伝子群のエンハンサーの網羅的な解析をおこなったところ、塩基配列の相同性からゲノム重複によって生じたと考えられるエンハンサーのペアがPax2とPax5の間に5組見つかった。ペアの1組は中脳後脳の境界で活性を示し、このペアで保存されている転写調節因子の結合モチーフのセットを手掛かりに、祖先型遺伝子に近いと考えられるホヤのPax258遺伝子の近傍ゲノム領域を探索したところ、同様な活性を示すエンハンサーを同定することができた。また、別のペアは前腎で活性を示したが、通常、前腎ではPax2だけが発現し、Pax5は発現しない。しかし、Pax2の発現を阻害すると前腎でPax5が発現し、Pax2の代わりに下流遺伝子を活性化して前腎形成を部分的に補償することが明らかになった。以上の発見をもとに、パラログ進化におけるシス調節機構と遺伝子ネットワークの可塑性について考察する。

【WS13-2】 多細胞動物の体制進化の比較ゲノム学

川島 武士 (OIST)

ゲノム解読が急速に進むようになって、他の多くの生物学の分野同様、進化学における研究アプローチは格段に変わった。すくなくともあたらしい手法が大きく付け加わった。「従来の分子生物学から得られるべきデータが、単に大量になっただけ」という枠組みを超え、新しいものの見方が可能となってきている。しかしながら、ゲノムが解読される生物種には、進化生物学的な視点から見たときに、明らかに大きなかたよりがあり、現在はまだ解読の量も質も十分とは言いがたい。

演者は、過去5年ほどにわたり米国の共同ゲノム研究所（JGI）に席をおく間、様々なゲノムプロジェクトに直接または間接的に関わってきた。その中で、動物の多様性進化に切り込むようないくつかのゲノムプロジェクトの中から、少しずつ見えてきた進化学的発見について紹介したい。ここでは特に、ドラフトゲノムが解読されることで始めて可能となるような情報科学的な解析に焦点をあてたい。さらに、演者が現在たずさわっている、サンゴゲノムプロジェクトの現状の紹介を中心に、刺胞動物ゲノム解読から明らかになってきた、動物の体制進化について議論する。

【WS13-3】 表現型可塑性に見られる発生生理機構のコオプション

○三浦徹（北大・地球環境）

昨今のゲノム解析などにより、ゲノムと形態の関連について理解が深まりつつあるが、遺伝的な変化がどのような過程を経て表現型進化に帰結するののかについては、議論の余地がある。一方で近年では、適応的な可塑性の獲得、連続的な可塑性から不連続な表現型多型への移行、可塑性な表現型の固定化など、発生の可塑性が表現型進化に与える影響が様々な例で報告されている。また、環境要因により誘導される表現型が、遺伝的に決定される表現型の獲得に先行するという考えも提案されている。本講演では、いくつかの節足動物において、いったん獲得された表現型とその発生機構をco-optすることで、新たな表現型を創出する例を紹介し、その根底にはどのような発生生理機構が存在しているのかについて考察したい。表現型進化は、ゲノムのどこに突然変異が入るかという議論だけで片付けられる問題ではなく、生じた変異が他の生物学的機構にどのような影響をもたらすか、どのように集団に広まり固定化されるかなど、解明すべき問題も孕んでいる。今後の進化発生学において1つの重要なテーマとなるであろう「発生過程の柔軟性が表現型進化に果たす役割」についても議論を深めたい。

【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¹（¹岡山大・異分野融合コア）

進化的キャパシターは、発生過程の安定化により、遺伝的変異を緩衝することで、集団中の遺伝的多様性を維持すると考えられている。分子シャペロン的一种であるHsp90はこのような発生過程の安定化を担う分子の候補と考えられており、盛んに研究が行われてきたが、それ以外には、発生過程の安定化に寄与する遺伝子の探索はなされていない。本研究では、キロショウジョウバエを材料として、進化的キャパシターの候補となり得る、発生過程を安定化する機能を持つ遺伝子の探索を行った。まず、Hsp90と類似した機能を持つことが予想される熱ショックタンパク質遺伝子に注目した。RNA干渉法を用いて、熱ショックタンパク質遺伝子の発現の抑制が、発生過程の安定性に与える影響を評価した。また、均一な遺伝的背景を持つ欠失系統コレクションを用いて、発生過程の安定性に影響する欠失領域のゲノムワイドスクリーニングを行った。いずれの場合も、発生過程の安定性の指標として、形態形質の安定性を用いた。その結果、複数の熱ショックタンパク質遺伝子、また欠失領域で発生過程の安定性に効果が見られ、進化的キャパシターの候補になり得る因子が複数見つかった。

【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¹（¹筑波大・院生命・若手イニシアティブ）

近年のEvo-Devoにおいては、「遺伝子の発現調節機構の保存と変化が進化の主要因である」とのコンセプトが人口に膾炙するようになった。これに対して今回の発表では、この本流のコンセプトから外れる事例を話題提供したい。昆虫の脱皮と変態の制御には、エクジソンと呼ばれるステロイドホルモンが必須である。エクジソンは一般に、食餌中のコレステロールを原材料として生合成される。先年我々は、エクジソン生合成経路でのコレステロール代謝を担う酵素Neverland (Nvd) を同定した (Yoshiyama et al. Development 2006)。Nvdの研究の過程で、我々は以下の2つの疑問を抱いた。(1) Nvdはエクジソンを生合成しない線虫や後口動物にも見出される。何故Nvdはこれらの動物で失われなかったのか？(2) 昆虫の中には、コレステロールを原材料とせずにエクジソンを合成する特殊な種がいる。こうした昆虫はNvdを持つのか？本発表では、様々な動物種におけるNvdの機能解析の現状を整理し、Nvdの「酵素」機能の保存性と多様性、そしてそれに連関する生活史の進化を議論する。

ワークショップ: WS14

Phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies

企画要旨 : As the title shows, this workshop focuses on phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies. While evolutionary studies of culture as a systematic research program started in 1970s or 1980s, the main aim of these studies has been to consider not the pattern but mainly the process of cultural evolution. Recently, however, phylogenetic methods and thinking have been a hot topic in cultural evolutionary studies. For example, some useful and interesting anthologies were published (e.g., Lipo et al. 2005; Mace et al. 2005; Shennan 2009) and in fact, we are planning to publish an anthology on this topic that the participants will contribute to. This workshop will consider such phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies from many kinds of perspectives.

【WS14-1】 A brief history of phylogenetic methods in cultural evolutionary studies: An introduction
○NAKAO Hisashi (Department of Philosophy and History of Science, Graduate School of Letters, Kyoto University)

Phylogenetic methods and thinking are universal in a sense that they can be applied to anything with descent and inheritance. As an introduction to this workshop, I will clarify their such characteristic by briefly referring to their history and some examples.

【WS14-2】 The roots of cultural phyogenetics and the universal tree-thinking
Nobuhiro Minaka (National Institute for Agro-Environmental Sciences)

Reconstructing cultural phylogenies has its historical origin in earlier centuries as compared with the root of biological phylogenetics in the Nineteenth Century. Before Charles Darwin or Ernst Haeckel on the phylogenetic history of organisms, genealogies of non-organismal objects (language, manuscript, art, design, family, etc.) had been widely used around the world. Methods for estimating manuscript stemmatics was established during the Eighteenth Century, which could be the cladistic method later independently developed by Willi Hennig in his entomological works during the World War II. Such a convergent history of phylogenetic methodology suggests a common style of universal tree-thinking among cultural and biological studies.

【WS14-3】 Using phylogenetic comparative methods to test hypotheses about the pattern and process of human cultural evolution
Tom Currie (University of Tokyo, JSPS Post-Doctoral Fellow)

Phylogenetic comparative methods are a standard way of testing hypotheses about biological evolution. Recently, researchers have begun to apply these same techniques to provide insights into the pattern and process of cultural evolution. In this talk I present recent investigations of the evolution of human social and political organization with a regional focus on the Austronesian-speaking societies of island South-East Asia and the Pacific. These studies illustrate the ability of phylogenetic comparative methods to address questions that have been of long-standing interest in the social sciences.

【WS14-4】 Phylogenetic approach to "Wakuraba (老葉)" --an anthology of "Renga" by Sohgi--
Tamaki YANO (Fac.of Culture and Science, Doshisha Univ. Professor)

Sohgi(1421-1502) is the greatest poet and a scholar of classics in Muromachi period. His master works concern Renga(one hundred chained poems). "Wakuraba" is one of his anthorogy of Renga, and has several types of texts. In this talk, we show some new results on grouping of them by a phylogenetic approach.

【WS14-5】 Analyzing the development and evolution / origins of potpourri elements of 19th century Japanese Giyofu (pseudo western style) architecture using G. Kubler's
中谷礼仁 (早大・理工学術院・准教授)

In the end of the 19th century in Japan, before the beginning of academic education, traditional Japanese carpenters were inspired to construct "Western Style Architecture". The resulting style came to be called Giyofu (擬洋風-pseudo western style) by later academic historians, because of its lack of authenticity . However, this style has a particular historical value. The style was generated by integrating a potpourri of eclectic architectural elements that were "new" to Japanese carpentry at that time.

During this session, I will use the ideology presented in "Systematic Age" (G. Kubler, 1962) to analyze and re-organize the diverse development and evolution / origins of these elements in order to better understand both the genesis and the rise and fall of this style.

夏の学校

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

企画要旨：本夏の学校は、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を紹介することを目的とする。分子系統解析には、ある程度の「定石」はあるものの、「こうすればいい」というお決まりの方法はない。解析の目的や方法、そのためのソフトウェアも日進月歩である。そこで、解析方法開発者（田村）、動物系統分類学者（田辺）、植物系統分類学者（奥山）という、違ったバックグラウンドの講師が、それぞれの分子系統解析論を披露する。参加者には、それらの中から共通点と多様性を見出し、自身の研究に相応しい分子系統解析の方法を自ら学びとってもらいたいと思う。

【SS1-1】 MEGA5による分子進化・分子系統解析

○田村浩一郎（首都大・院理工）

MEGAは、マウスを使って簡単に操作でき、結果そのまま論文の原図にできる形で出力できる分子進化・分子系統解析のための総合ソフトウェアである。これ一本あれば用が足りる万人向け万能ソフトを目指している。最近リリースした最新バージョン、MEGA5、を使った「データ作成から祖先形質復元まで」をご紹介します。

【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・院生命環境科学）

分子系統解析を適切に行うには、データセットを適切に作成する必要がある。本講演ではまずその方法について解説する。また、系統仮説間の比較を行うための対立仮説の探し方や対立仮説を満たす中で最尤な系統樹の探索法、および最新の分岐年代推定法の概説を行う。これらの手法が語られることは少ないが、いずれも生物の進化研究において重要なものである。本講演ではこれらの方法に関する演者の考えとともにいくつかのソフトウェアも紹介する。

【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・植物）

生物多様性を形作る個体、個体群、種といった単位はいずれも統計的に独立ではない。したがってそれぞれが有する多様かつ膨大なデータから有用な情報を抽出する際には、その系統関係を考慮することが必須である。本講演では、ソフトウェアの紹介も交えながら実際のデータを用いた系統的比較法を解説したい。また系統的比較法と密接な関係のある祖先形質の推定法についても簡単に紹介したい。

夏の学校: SS2

進化教育 夏の学校

企画要旨：2012年から実施される新学習指導要領の生物領域では、生命科学の急速な発展に対応することを考慮して大きな改訂がなされた。現指導要領との最も大きな違いは、「生物基礎（2単位）」・「生物（4単位）」の全編にわたって、進化的に単元内容をとらえることが可能になった点であろう。しかし一方で、これまで中等教育において進化の学習が軽視されていたことなどから、高校生物教員の進化生物学に対する理解は充分とはいえない。また、実験や観察の方法も少ないために、高校で進化を教えることに対する不安を抱える教員も少なくない。そこで、高校生物において進化生物学を取り入れる方法論や問題点、生徒実験の提案などの話題提供をするとともに、進化生物学的な視点に基づいた生物教育のありかたや実践方法について、聴衆も含めて議論したい。

【SS2-1】 新学習指導要領での進化の扱い

○嶋田 正和（東大・総合文化・広域）

2012年4月施行の新学習指導要領では、『生物基礎』（2単位）は選択必修で、大項目は(1)生物と遺伝子/(2)生物の体内環境の維持/(3)生物の多様性と生態系、となる。一方、『生物』（4単位）は選択で、大項目は(1)生物現象と物質/(2)生殖と発生/(3)生物の環境応答/(4)生態と環境/(5)生物の進化と系統、である。多くの分野は上下で重複したスパイラル学習となる。『生物基礎』の冒頭(1)生物と遺伝子-ア生物の特徴-(7)生物の共通性と多様性では、「生物が共通性を保ちながら進化し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」とあり、生物の共通性と多様性の理解に対して系統と進化の視点導入から始まる。『生物基礎』は、高校生物の内容を現代化するため分子生物学を前面に出し、ホルモンや免疫など健康・医療を理解させ、生態系保全の重要性を認識させるなど、現代社会との関わりを強化している。また『生物』では、昨今のゲノム情報や遺伝子発現調節の理解の大きな進展を取り入れ、一方で、生物多様性の3要素などを教える。これらを背景に、進化分野では分子進化の中立説や分子系統樹が増えそうだ。

【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・生命）

新高等学校学習指導要領が平成21年3月に公示され、理科と数学については1年先行して平成24年度から実施される。高校生物は、大改訂が行われた。その背景は、ヒトを含む多くの生物での全ゲノムが解読され生物学自体が大変革してきたことと、それによる社会生活への生物学の持つ意味が大きく変わったことがある。

学習指導要領の改訂は、文部科学省の中央教育審議会で審議されるが、実質的にはそこでは基本的な方針のみが審議され、具体的な内容は文部科学省の原案作成に依存している。その過程で、8名の協力者が協力した。

80%以上の高校生が履修することを想定している科目「生物基礎」は、導入部分に生物の起源の共有と進化を背景とした「生物の共通性と多様性」を置いた。また、メンデル遺伝の法則を中心とした遺伝の扱いを離れ、DNAがもつ遺伝情報とその情報に基づくタンパク質合成を理解することで、生命現象の基礎を理解することを目指した。

20%以下の履修しか期待できない科目「生物」では、5つの大項目の1つに「生物の進化と系統」が置かれ、ゲノム解析等の急速な進展を踏まえ、構成と内容の大幅な改善が図られた。

【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都立江北高校、²都立豊島高校、³都立墨田川高校)

福岡大会(2003)「中学・高校ではどのように進化を教えるのか」で、高校生物における進化教育の状況を報告した。当時の高校生が進化を学ぶ機会は、一部の生徒しか学ばない『生物Ⅱ』の中でさらに「生態分野」と「進化分野」のどちらかを選択、というごく限られたものでしかなく、その教科書の記載内容にもばらつきがあった。そして、進化生物学(進化理論)は、現場の教員にほとんど浸透していなかった。この状況を改善すべく、日本進化学会を中心に、進化理論に関する教員研修・ワークショップが開催された。そして昨年、新しい学習指導要領(2012年度・理数先行実施)が発表された。大多数の生徒が履修する『生物基礎』で、「生物が共通性を保ちながら進化し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」ことを学ぶこととなった。また、高学年で一部の生徒が履修する『生物』では、進化理論を扱うことが明記され、生態分野との選択もなくなった。だが、この新しい学習指導要領に、現場の教員、そして教科書は対応していけるだろうか。高校教員の「進化」に関する認識について現状を報告し、現段階で何が不足しているのか、何が必要なのかを、みなさんと考えていきたい。

【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)

高校の次期学習指導要領では、生物分野において「進化」の単元の現代化が図られ、進化のメカニズムやプロセスを正しく理解できる内容になった。そこで、高校や中学の授業において進化を正しくわかりやすく理解する方法とその効果的な提示のしかたを提案する。

進化のしくみを理解しにくい要因の一つに、「進化」という現象自体の誤解がある。そこで、まず「進化」を定義するために、成長や変態・学習・進歩は進化ではないことを確認する。また、進化の授業では「進化のしくみ(プロセスとメカニズム)」を理解させることに重点を置く。進化は、突然変異・自然選択・遺伝的浮動によっておこる。すなわち①突然変異によって集団に変異が生じ、その変異を持つ集団に、②自然選択がかかると適応進化がおこり、③遺伝的浮動がかかると中立進化がおこる。これらを、わかりやすいモデルや興味深い実例を示しながら説明する。

このような進化のしくみの「軸」が理解できれば、さまざまな進化現象がどのようにしておこるのかを理解することができる。それだけでなく、自然界のあらゆる現象を進化の目を通して考察し、生物に関する本質的な理解を導くことができると考えられる。

【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・東大院学際情報・東理大院科学教育)

平成24年度から先行実施される高等学校理科の新学習指導要領では、マクロな進化学とミクロな分子生物学の連結が重視されている。進化学と分子生物学は生物学の中でも近年の発展が目覚ましい分野であり、今回の学習指導要領の改訂により教育内容の現代化がなされたわけである。このような新学習指導要領の教育理念が機能するには、1つに実験教材が充実していることが必要であるが、進化学や分子生物学の分野に関してはあまり実験が行われておらず、実験教材は充実していない。つまり、進化学と分子生物学の実験教材、そしてそれらを連結するような実験教材の開発が必要な状況と言える。本発表では、進化学と分子生物学を繋げて理解できる教材を目指し開発を行っている「自然選択による適応進化」と「分子系統樹の作成法」を学ぶ生徒実験を紹介する。

【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(京都府立洛北高等学校)

若手研究者の就職先として、高等学校の教諭を紹介したい。研究者としての未来や能力を信じていることができなくなって尾羽打ち枯らしてからなら、と考えている若手がいるかもしれない。だが、進化学あるいは生物学の発展に寄与するやりかたは、自身が研究成果をあげるばかりとは限らない。進化学の発展のために必要なのは、すぐれた一人の研究者よりもむしろ、多くのその理解者、サポーターである。日本にもっとも足りないのは生物学と生物学者への憧れと愛と敬意と無形の支援である。高校の教科書より(たぶん)面白いあなたの知識と経験を、サポーターの大量養成に活かしてみたいかであろうか。その目的をかなえるには高校教諭が格好のポストである。自身がポスドクから転じた発表者が一人でも多くの若手研究者を誘うべく、高校教諭として過ごす日々について率直に語る。

一般口頭発表

一般口頭発表: OP1

【OP1-1】 母性効果の多面発現とエピジェネティクスがもたらす純化淘汰

宇津野宏樹¹、○浅見崇比呂¹、Edmund Gittenberger² (¹信州大、²Leiden Univ.)

後生動物の集団には、発生が左右反転した内臓逆位の変異体がまれに見つかる。しかし、内臓逆位に固定した集団や種は、ほとんどの動物群で見つからない。この事実は、鏡像体の進化を妨げる一般的なメカニズムの存在を示唆する。だが、後生動物一般に適用可能な淘汰機構の研究は皆無に等しく、何もわかっていない。体内受精する巻貝では、左右反転すると、野生型（多数派）との交尾が困難になるため淘汰される。しかし、他の動物は、体外受精するか、あるいは交尾器が正中線にあるから、左右反転したところで、交尾上不利にはならない。しかも、後生動物の多くは、外形が基本的に左右対称だから、左右逆に発生しても、外界との相互作用で生じた不利は被らないはずである。鏡像体に対する淘汰は、左右逆の発生それ自体に起因するのかもしれない。しかし、通常の遺伝システムでは、初期発生の変更それ自体のエピジェネティックな効果と、発生を変更する遺伝子の多面発現とを識別するのは、不可能に近い。単一遺伝子の母性効果で左右極性が決まる有肺類を使い、この問題を解消した結果、螺旋卵割の左右性それ自体に起因して、鏡像体が純化淘汰されることが判明した。

【OP1-2】 関節で向かい合う骨格の二面がピッタリと嵌まり合う仕組み—昆虫の肢の関節の発生学と比較形態学—

○田尻怜子、林茂生（理研CDB）

陸上動物の体の概形と運動は骨格によって支えられる。節足動物では外骨格（クチクラ）が体表を覆い、脊椎動物では主に体内に骨が形成される。隣り合う骨あるいはクチクラ同士は関節において相補的な形状の面を以て接し、これが効率的かつ随意的な運動を可能にする。しかし、その形態的適合が発生過程でどのように実現するのかは不明であった。

ショウジョウバエ成虫肢の付節領域の関節では、片方のクチクラが球(ball)型の接面を、もう一方がそれと相補的な皿(socket)型の接面をもつ。我々はその形成過程を継時的に観察し、1)先に球型クチクラが形成され、これを「鑄型」として後から皿型クチクラが作られること、2)この過程には各クチクラを分泌する細胞の形状変化が重要であること、を明らかにした。これらの細胞の分化に関わるとされるNotchシグナルの強度やパターンを改変した変異体では関節構造の様々な異常が見られた。また現在、カゲロウやアブラムシなど他の昆虫種の付節領域の関節構造の観察を進めている。本会では、昆虫の肢の関節構造の進化と、それにNotch経路が関与する可能性について議論したい。

【OP1-3】 謎の動物 珍渦虫Xenoturbella bockiの進化と系統

○中野裕昭（筑波大・下田臨海）

珍渦虫は体長約1-2cmの底生の海産動物であり、現在までに北欧からしか正確な報告はない。中枢神経系や生殖器官、体腔、排出器官などを欠き、とても単純な体制をもつ。このため、その系統学的位置は長い間謎とされ、主に形態に基づいて扁形動物、無腸類、苔虫動物、軟体動物、棘皮動物、半索動物、新口動物の新門、原始的な左右相称動物、左右相称動物の姉妹群であると提案されてきた。1997年には分子系統解析の結果から珍渦虫は二枚貝の一員であると報告されたが、2003年以降は免疫組織学及び新たな分子系統解析に基づいて新口動物内の独自の門に属するという意見が広く認められるようになった。しかし、更なる分子系統解析から、珍渦虫は新口動物ではなく、原始的な左右相称動物である無腸類の姉妹群であるという論文が2009年から立て続けに発表されている。系統学的位置を巡ってなぜこのような混乱が生じているのか、珍渦虫の本当の系統学的位置はどこなのか、また、どのような進化の過程を経てこのような単純な体制を有するようになったのか、本発表では最新の分子系統解析の結果、及び成体・幼生の形態学的特徴から総合的に考察したい。

【OP1-4】 脊椎動物の頭部オーガナイザー獲得に関わるエンハンサー進化

○安岡有理¹、丹藤由希子²、窪川かおる²、平良眞規¹（¹東大・院理・生物科学、²東大・院理・臨海）

脊椎動物の初期発生において、原腸胚オーガナイザー（シュペーマンオーガナイザー）による神経誘導と頭部オーガナイザー（脊索前板）による頭部形成は、基本的ボディプラン形成を担う重要なプロセスである。一方、脊椎動物と同じ脊索動物門に属するナメクジウオでは、原腸胚オーガナイザーは存在するものの、頭部オーガナイザーは存在しないと考えられている。そこで我々は、頭部オーガナイザー獲得に関わる要因を探るべく、脊椎動物の頭部形成に必須なオーガナイザー特異的転写因子Lhx1 (= Lim1)とOtx2に注目し、それらに関わる遺伝子制御ネットワークをナメクジウオとアフリカツメガエルと比較した。その結果、Lhx1の背側への誘導に関わるNodal応答エレメントおよびchordinの発現維持に関わるLhx1とOtx2応答エレメントが脊索動物間で保存されているものの、goosecoidの発現維持に関わるLhx1とOtx2応答エレメントが保存されていないことを見出した。このことは、脊椎動物におけるgoosecoidのエンハンサー進化が、頭部オーガナイザー獲得に関わる重要なステップであったことを示唆している。現在、cerberus, dkk1, sfrpといった頭部オーガナイザーに発現する遺伝子についても同様に解析中である。

【OP1-5】 円口類ヤツメウナギの終脳発生におけるD-Vパターンニングと領域化機構～脊椎動物終脳の進化の理解に向けて～

○菅原文昭^{1,2}、青田伸一¹、倉谷滋¹（¹理研CDB、²神戸大・院理）

脊椎動物の終脳は、その進化において新規に獲得された構造であるが、その成立や各領域の進化的機序については未解明な点が多い。以前の研究から、脊椎動物の進化の初期に分岐したヤツメウナギ発生期の終脳にはHh発現領域がなく、ここから誘導されるMGEに相当する部分を欠くことが示唆されていた。今回我々はHHシグナリングを含む終脳に発現する遺伝子群を網羅的に解析し、以下の結果を得た。

1) ヤツメウナギ終脳にはHh発現ドメインは存在せず、MGE領域は存在しない。

2) 顎口類のLGEに相当する遺伝子発現(Gsh, Sp8, Isl)は見出すことが出来た。

3) 終脳領域化に先立つD-Vパターンニングに関して、FGFシグナルおよびnon-neuralなHHシグナルによる腹側化機構は、ヤツメウナギにおいても存在することが阻害剤実験によって確認された。

以上の結果から、終脳を背側のパリウムと腹側のサブパリウム(LGE)に分け領域化する機構は、ヤツメウナギと顎口類が分岐する5億年以上前に確立しており、サブパリウムをさらに分けるMGE領域およびそこから生み出される移動性介在ニューロンは、顎口類側で独自に獲得した可能性が示唆された。

【OP1-6】 咽頭弓進化の解明を目指したPax1とPax9の発現・機能解析

○岡田和訓¹、猪早敬二²、工藤明²、和田洋¹（¹筑波大学・院生命環境、²東工大・生命理工）

脊椎動物は鰓、顎、耳小骨などの多様な咽頭派生体を進化させ、様々な環境に適応してきた。これら多様な咽頭派生体の発生起源は咽頭弓と呼ばれる胚時期の構造である。咽頭弓は複数の細胞集団から形成される咽頭の分節構造であり、その形成過程で咽頭内胚葉が襞状に分節し、神経堤細胞を適切な咽頭弓へ分割する。つまり咽頭弓進化の背景には、背側の神経外胚葉と腹側の咽頭内胚葉の分節リズムを同調させる機構の成立があったと考えられる。咽頭弓の分節機構を解明するために、我々はPax1とPax9という遺伝子に着目し、まずメダカを用いてそれらの遺伝子の発現と機能を詳細に調べた。その結果、両者は共に咽頭内胚葉で発現するが、このうちPax1が咽頭弓を隔てる咽頭内胚葉上皮の領域で特異的に発現した。そして機能阻害実験の結果、Pax1が咽頭弓の分節に必要な不可欠な機能を持つことを明らかにした。ナメクジウオやギボシムシにおいても、相同遺伝子であるPax1/9が咽頭内胚葉で発現することが報告されており、鰓裂の形成に関与すると考えられている。今回はナメクジウオにおける鰓裂形成のリズムと神経系の分節との対応に関する知見と合わせて、咽頭弓の分節機構の進化について考察したい。

【OP1-7】 高い突然変異率がもたらす哺乳類集団への影響と新たな表現型の創出

○内村有邦¹、日高裕子¹、古澤満²、八木健¹ (¹ 阪大・生命機能、² (株) ネオ・モルガン研究所)

突然変異率は生物進化のもっとも重要なパラメータである。種の存続のためには、通常の理論モデルでは有害突然変異の発生数が世代あたり1以下でなければならないと考えられるが、ヒト集団での世代あたりの発生数が3程度であるように哺乳類ではこの値が極端に高いことが知られている。私たちは、高い突然変異率が哺乳類集団に及ぼす影響を調べるため、自然発生突然変異率を高めたマウス系統を長期間継代することで、系統の表現型がどのように変化していくのか解析しようと考え、ゲノムDNAの複製過程で主要な役割を担うDNAポリメラーゼ δ の校正活性を欠失させたマウスを作製し、繰り返し継代を進めてきた。

現在までに4年間で最大15世代の継代を進めてきたが、世代の経過とともに、出産あたりの産仔数の減少や、水頭症の発生頻度の上昇などの変化が観察された。また、それらの系統からは、毛色、手指、尾の異常など通常とは異なる表現型を示す個体が高頻度で誕生してきた。その中からは「ヒト可聴音域で小鳥のように鳴くマウス」や「四肢と尾が短いマウス」などの興味深い表現型変異系統も誕生している。これらの結果から、哺乳類進化と突然変異率の関係について議論したい。

【OP1-8】 長期実験室内進化からみた大腸菌の変異と発現の変遷

○應 蓓文¹、北原 和樹¹、飯島 玲生²、小野 直亮¹、古澤 力¹、鈴木 真吾¹、岸本 利彦⁴、四方 哲也^{1,2,3} (¹ 阪大院・情報・バイオ情報；² 阪大院・生命機能；³ ERATO, JST；⁴ 東邦大・理)

生物は様々な環境の変化に対して、適応していくことが知られているが、進化過程において細胞全体の遺伝型また表現型がどのように適応的に変化するのがまだ不明である。ここで、我々は、最適生育温度が37°Cである大腸菌を実験室内進化（長期植え継ぎ培養）により45°Cまで適応させた。本研究では、この進化過程における各温度での適応大腸菌のゲノム変異解析またはトランスクリプトーム解析を行うことにより、適応進化過程におけるゲノムワイドなスナップショットを捉え、その特徴を明らかにして、細胞がどのように内部状態調整し高温に適応したのかを探索する。リシーケンスアレイ及びサンガー法を併用したゲノム変異解析では、集団の適応度が上がりながらも分子進化における正の選択から中立への変転が観察された。適応進化の末、自然突然変異率の上昇とMutatorの出現が確認された。さらに、各段階での細胞集団の遺伝子発現プロファイルを解析した結果、適応進化に伴う遺伝子発現パターンの変化の緩和が見られた。高い変異率を許容しながら、遺伝子発現ネットワークを調整していく大腸菌の適応進化の戦略を議論する。

【OP1-9】 オキナワトゲネズミの SRY の機能性と新たな性染色体領域の構造

○村田知慧¹、山田文雄²、河内紀浩³、松田洋一⁴、黒岩麻里^{1,5} (¹ 北大・院生命科学、² 森林総研、³ 八千代エンジニアリング、⁴ 名大・院生命農学、⁵ 北大・院理学研究)

Tokudaia 属トゲネズミは3種が知られているが、このうち2種はY染色体をもたず、雌雄ともにX染色体1本のXO/XO型である。さらに、哺乳類の性決定遺伝子 SRY を消失している。一方、オキナワトゲネズミ (*T. muenninki*、以下オキナワ) はXX/XY型であるが、我々の研究から、オキナワのY染色体には SRY が複数コピー存在すること、また、性染色体に一对の常染色体が融合し、新たな性染色体領域 (neo-X、neo-Y) を獲得していることが明らかとなっている。我々は、マルチコピー化した SRY 遺伝子の機能性と、neo-X、neo-Yに連鎖する遺伝子を同定することを目的とし、以下の解析を行った。150クローンにおけるシーケンス解析の結果、得られた SRY 配列すべてに共通して、機能ドメイン内にオキナワ特異的なアミノ酸置換がみられ、性決定機能への影響が示唆された。また、FISHマッピングの結果、哺乳類の性分化に重要なはたらきをもつ CBX2 遺伝子などがneo-X、neo-Y領域に存在した。現在は SRY の機能性検証実験と、neo-X、neo-Yに存在するさらなる遺伝子のマッピングを進めている。

【OP1-10】 Xenopus 2種の比較染色体地図から推定される四肢動物のゲノム・染色体進化とアフリカツメガエルのゲノム倍数化過程

○宇野好宣^{1, 2}、西田千鶴子³、高木知世⁴、上野直人^{4, 5}、松田洋一¹ (1名大・院生命農学、2北大・院生命科学、3北大・理、4基生研・形態形成、5総研大・生命科学)

魚類や鳥類、哺乳類などの多くのモデル動物でゲノム配列が解読され、脊椎動物で保存されている遺伝子連鎖群が明らかになってきた。しかし、系統学的に魚類と羊膜類の間に位置する両生類のゲノム・染色体情報は乏しく、四肢動物のゲノム進化を理解するうえで両生類のゲノム情報は重要である。最近、ネッタイツメガエル *Xenopus (Silurana) tropicalis* の全ゲノム情報が解読され、ニワトリの大型染色体 (No.1-9, Z) と非常に保存性の高いシンテニーをもつことが明らかになった。しかしながら、ニワトリ小型染色体との相同性は不明であり、異質四倍体で広く実験動物として用いられているアフリカツメガエル (*Xenopus laevis*) を含め、両生類では大規模な染色体地図は報告されていない。本研究では、*Xenopus* 2種 (*X. tropicalis*, *X. laevis*) を対象として、FISH法を用いてアフリカツメガエル EST クローンの染色体マッピングを行い、比較染色体地図を作製した。これらの結果に基づき、四肢動物のゲノム・染色体進化、さらにアフリカツメガエルに生じた倍数化に伴う染色体再配列について考察する。

【OP1-11】 シクリッドの適応放散に貢献したB染色体

○吉田 恒太¹、黒岩 麻里²、寺井 洋平¹、溝入 真治¹、相原 光人¹、平井 啓久³、平井 百合子³、西原 秀典¹、小林 直樹¹、松田 洋一⁴、岡田 典弘¹ (1東工大・院生命理工、2北大・院理学院、3京大・霊長研、4名大・院生命農学)

B染色体は通常の染色体セットに対して過剰に存在する染色体であり、真核生物の多くの種で報告されている。しかしながら、その機能や内部配列はほとんど明らかになっておらず、その遺伝的特徴から生物個体に寄生する「利己的な遺伝子」として考えられてきた。本研究では、短期間の適応放散により生じたヴィクトリア湖産シクリッドにおけるB染色体の解析を行い、B染色体が機能を持つことを示すいくつかの証拠が得られた。ヴィクトリア湖産シクリッドの一種では交雑実験により、B染色体が性比を雌に偏らせる機能をもつことが示された。性比を雌に偏らせる機能は、新しい集団の集団サイズを拡大し、適応放散を促進すると報告されている。これらのB染色体のDNAを含んだBACクローンの配列解析により、B染色体では初めて50 kbを超える配列の解読に成功した。その結果、B染色体は予想に反して、形態形成などに関与する遺伝子に富んでいることが明らかになった。本研究により、B染色体は多くの遺伝子を含み、その変異により、一部の遺伝子は性決定に関与した機能を獲得し、ヴィクトリア湖産シクリッドの短期間の適応放散に貢献してきたことが示された。

【OP1-12】 外来生物であるヒアリ (*Solenopsis invicta*) が侵入地域で示す細胞生物学的変異

○村上貴弘¹、笹千舟²、佐藤一樹¹、坂本洋典²、東正剛² (1北教大・環境、2北大・環科院)

本研究は、2005年に特定外来生物に指定されたヒアリ (*S. invicta*) の染色体数の変異、18S rDNAのFISHマッピング、Ag-NOR染色を台湾個体群とアメリカ合衆国フロリダ州の個体群で行い、ヒアリの侵入地域への適応進化メカニズムを明らかにすることを目的に行った。ヒアリは現段階で日本への侵入、定着はしていないが、日本以外の環太平洋地域ではすでに定着し、大きな被害を出している。ヒアリの染色体数はオスが $n = 16$ 、メスが $2n = 32$ を基本とするが、本研究の結果から、台湾、フロリダの個体群ともに染色体数のばらつきが大きく、オス、メスともに三倍体などの倍数性の変異が見られた。FISHマッピングの結果、両性ともに18S rDNAのシグナルを検出でき、かつ変倍体ではシグナルの大きさに差が生じた。Ag-NOR染色した核では、濃染されたスポットが1-15個と大きくばらついた。これらの結果は、不妊や腫瘍形成を示唆するもので、定着、繁殖にはネガティブなものばかりである。外来生物であるヒアリは侵入地域で何らかのストレスにさらされているため、細胞、染色体レベルでの変異が生じているものと考えられるが、これがヒアリの旺盛な繁殖能力とどのような関連があるのかは議論する必要があるだろう。

一般口頭発表: OP2

【OP2-1】 アーキア由来核酸関連酵素におけるRNAとDNAの曖昧な認識について

○金井昭夫、佐藤朝子、富田勝（慶應義塾大学先端生命科学研究所）

高温などの極限環境に生息するアーキア(古細菌)は生命起源に関する研究のみならず、遺伝子の制御機構を進化的に考察する上で有用な生物種である。我々のグループではこれまでにアーキアのゲノム情報を利用することで、様々なタイプのtRNA分子を見だし、またPre-tRNAに介在するイントロンの進化について解析して来た。今回、超好熱性アーキアP. furiosusを対象として、Pre-tRNAのプロセシングに関わると考えられる(1)RNA鎖末端のリン酸基を環状化する酵素(PF1549蛋白質)や(2)RNA鎖の5'末端リン酸化酵素(PF0112蛋白質)の生化学的な解析を行った。その結果、前者はGTP依存的にRNA鎖の末端のリン酸基を環状化したが、dGTPにおいてもその活性化が認められた。また後者ではRNA鎖ばかりでなくDNA鎖も良い基質としてリン酸化反応を行った。さらに、我々は同アーキア由来のRNase H酵素がRNA/DNAハイブリッドばかりでなく、dsRNA鎖も切断することを見だした。以上は、本アーキア由来の酵素はRNAとDNAに対する特異性が真核生物のそれと比べて曖昧であることを示している。

【OP2-2】 局所尤度と階層ベイズによる多様化圧の空間マッピング

○渡部輝明¹、岸野洋久²（¹高知大・医、²東大・院農学生命科学）

相互作用するタンパク質ではその結合部位において、一方の変異が他方に変異を引き起こす。そのため共進化を検出することで、タンパク質間の相互作用や機能的連関を推測することが可能となる。多様化圧を受ける部位は両者の適応進化において鍵を握る部位であるが、アミノ酸の置換速度が大きいという特徴を持つ。従ってアミノ酸置換速度、とりわけ非同義置換速度と同義置換速度の比 (w) の時空間変動を感度良く検出することが重要となる。従来のサイト間の独立性を仮定した混合分布モデルによる推定では、しばしば偽陽性が拾われることが指摘されてきた。これは推定するパラメータの自由度が配列データの持つ情報量を超えているためと考えられる。そこで本講演では立体構造上での w の変動にペナルティを課す階層ベイズ法を提案する。近接サイトの情報を利用する局所尤度法が基になっており、ペナルティの強さは事後的に求められる。インフルエンザウイルスのヘマグルチニンタンパク質について多様化圧のかかる部位を推定したところ、擬陽性が抑えられることが確かめられ、受容体結合部位とその周辺において多様化圧がかかっていることが明瞭に見て取れた。

【OP2-3】 ミツバチの重複TRPチャンネル遺伝子AmHsTRPAの機能と進化

河野景吾¹、曾我部隆彰²、富永真琴²、○門脇辰彦¹（¹名大院・生命農、²岡崎統合バイオ・細胞生理）

ミツバチは集団により巢内を一定温度(32-36°C)に保つが、ミツバチがどのようにして環境温度を感知しているのかは不明である。そこで私達は、膜翅目昆虫に特異的に存在するTRPAチャンネルであるAmHsTRPAを同定し、その機能について解析を行った。その結果、AmHsTRPAは34°C以上の温度とカンフルなどの昆虫忌避物質により活性化されることを見出した。さらに、ミツバチ個体を用いた行動実験の結果から、AmHsTRPAが生理的な温度・化学物質センサーとして機能することも明らかにした。膜翅目昆虫は古代化学物質センサーであるTRPA1を欠失しているが、AmHsTRPAはショウジョウバエ個体内でTRPA1の機能を相補することが可能である。以上の結果から、ショウジョウバエでは湿度上昇センサーとして機能するWtrwの重複により生じたAmHsTRPAは、進化過程において温度や化学物質応答性を獲得し、これにより膜翅目昆虫では古代化学物質センサーであるTRPA1が欠失したと考えられる。これは、重複イオンチャンネル遺伝子の新機能獲得とそれに引き続いて生じた機能的に同等な遺伝子の欠失を示す最初の例である。

【OP2-4】 クロショウジョウバエにおける抗菌ペプチド遺伝子の網羅的探索

○瀬戸陽介、田村浩一郎（首都大・院理工）

カビの多い環境に生息するショウジョウバエにとって、抗菌ペプチドは自己防衛機構として重要な役割をはたしていると考えられている。キイロショウジョウバエでは、カビに対して働く主要な抗菌ペプチドとしてDrosomycinとMetchnikowinの2種類が知られている。しかし、ショウジョウバエ12種の全ゲノム解析から、Metchnikowin遺伝子は12種全てに存在しているが、Drosomycin遺伝子はキイロショウジョウバエ種群の種でのみ見つかり、その他の種では見つからない。それらの種の中にはキイロショウジョウバエよりもカビに強い抵抗性を持つものも多く、キイロショウジョウバエには存在しない独自の抗菌ペプチドが存在し、それらがカビへの抵抗性に関与している可能性がある。そこで、本研究では、キイロショウジョウバエよりもカビに対して強い抵抗性を示すクロショウジョウバエについて、ディファレンシャル・ディスプレイ法を用いて抗菌ペプチド遺伝子の網羅的探索を行った。その結果、いくつかの候補遺伝子が得られたのでそれらについて報告する。

【OP2-5】 キイロショウジョウバエ種群における抗菌ペプチドDrosomycin遺伝子群の分子進化

小山あずさ、○田村浩一郎（首都大・院理工）

抗菌ペプチドは昆虫の主要な生体防御機構の一つであるが、キイロショウジョウバエの主要な抗菌ペプチドとして、Drosomycinがよく知られている。DrosomycinをコードするDrosomycin遺伝子群には七つの遺伝子が見つかり、それらが進化過程でどのように生じ、どのような機能の違いがあるかについてはまだよく分かっていない。そこで本研究では、キイロショウジョウバエ種群におけるDrosomycin遺伝子群の分子進化を明らかにするため、D. suzukii, D. takahashii, D. eugracilis, D. ficusphilaの4種について、Drosomycin遺伝子群の四つの遺伝子（Dro2, Dro3, Dro4, Dro5）を含むゲノム領域の塩基配列を決定し、全ゲノム配列が決定されている4種と共に分子進化的解析を行った。その結果、キイロショウジョウバエ種群の進化過程で遺伝子の重複や消失が繰り返されたことにより、種によって存在する遺伝子やコピー数が異なること、異なる遺伝子間で発現量やアミノ酸配列に対する機能的制約に差異が生じていることが示唆された。

【OP2-6】 脊索動物における筋アクチンの進化速度と生態との関係

○寺門 潔（埼玉大・元教授）

脊索動物門は頭索動物、尾索動物、脊椎動物からなる。頭索動物は種類が少なく、また形態や生態も似ている。尾索動物はこれに反し、形態も生態も多様である。固着性のホヤから外洋性のサルパまでである。脊椎動物は水圏、陸上、空中と生態は多様であるが筋アクチンの進化速度が速いのは、運動性が低下した種に限られる。尾索動物ホヤ類の有尾幼生をもつものでは幼生筋と成体筋がある。成体筋アクチン遺伝子はほとんど同じであるが幼生筋アクチン遺伝子は進化速度の速いものがある。進化速度が速いのは、近縁種が（幼生筋の退化した）無尾種である場合にみられる。外観上は他の種とほとんど差がない。無尾幼生は拡散のために泳ぐ必要がない（機能的拘束が著しく低下した）ことによって生じたと考えられている。頭索動物であるナメクジウオ類のアクチン遺伝子はいずれも進化速度が極めて大きい。浅海の砂質底に何日も潜り、口だけを出してプランクトンを補足し餌にしている。つまり、運動性の低下が進化速度を高めていると推論される。言い換えれば、ナメクジウオの着底という生活様式がアクチン遺伝子の進化速度を高めていると考えられる。“進化速度の一定性”を乱す一要因と考えられる。

【OP2-7】 2種の孵化酵素をもつミルクフィッシュChanos chanosの卵膜分解機構とその進化

○佐野香織¹、川口眞理^{2, 3}、渡部諭史⁴、井内一郎⁵、安増茂樹⁵（¹.上智大・生物科学、².東大・大気海洋研、³.学振PD、⁴.国際農研セ、⁵.上智大・物質生命）

硬骨魚類孵化酵素遺伝子の分子系統樹によると、孵化酵素遺伝子は単一酵素から、重複・多様化により2種類の酵素（clade-I, II）へと進化したと考えられる。タンパク質レベルで調べると硬骨魚類の中で比較的古くに分岐したカライワシ上目の魚の孵化は単一酵素で行われるが、それより後に分岐した正真骨類とニシン・骨鰈類の魚はそれぞれ2種類の酵素系である。カライワシ上目の単一酵素は卵膜を膨潤・軟化し、胚の運動により卵膜を破って孵化する。一方正真骨類の2種の酵素ではclade-Iに属するHCEが卵膜を膨潤・軟化し、clade-IIに属するLCEが膨潤卵膜を可溶化する。このことから硬骨魚類孵化酵素の祖先型孵化酵素は膨潤化酵素で、カライワシ上目、正真骨類HCEは祖先型酵素を維持しており、clade-IIのLCEが可溶化という新機能を獲得した遺伝子と言える。ニシン・骨鰈類の2種類の酵素は未解明である。今回、骨鰈類のミルクフィッシュChanos chanosよりclade-IとIIに属する孵化酵素のリコンビナントタンパク質を作成し、その分解機構を調べた。酵素による卵膜の切断部位や基質特異性を他魚種と比較し、孵化酵素の卵膜分解機構の進化を考察した。

【OP2-8】 野生メダカ集団におけるcytochrome P450遺伝子のアレル間機能差

○勝村啓史¹、尾田正二¹、三谷啓志¹、河村正二¹、太田博樹^{1,2} (¹東大・院新領域、²北里大・医)

近年、ヒトにおいて膨大な数の1塩基多型 (SNP) が報告されている。しかしながら、これらSNPのアレル間機能差を集団レベルで解析する実験系はまだ整備されていない。私達は、種内多様性に関する知見が豊富なメダカ (*Oryzias latipes*) がヒト集団遺伝学のモデル生物として有用であるか、シトクロムP450 (CYP) 遺伝子に着目し検証を行っている。

CYPは超遺伝子族を形成し、薬剤代謝や生体内外の生理活性物質の代謝に必要な酵素である。ヒトCYPでは多くのSNPが報告され、アレル間の酵素活性の差が報告されている。私達は、野生メダカCYPのSNPがヒト同様の機能差を示すか調べた。その結果、CYP1A及びCYP1B1において、1)ヒトSNPと同様の位置にメダカSNPが存在し、2)ヒトと同様に酵素活性に有意な差が見られた。これらの結果からヒトSNPのアレル間の機能差を予測する脊椎動物モデル生物としてメダカが有効である事が期待される。

【OP2-9】 免疫プロテアソームサブユニットPSMB8遺伝子の二型性の進化

○藤戸尚子¹ 塚本健太郎^{1,2} 野中勝¹ (¹東大・院理 ²藤田保健衛生大・総医研)

免疫プロテアソームを構成するサブユニットの一つであるPSMB8には、基質特異性を決定する残基が異なり、切断特異性に差があると思われる二系統が存在する。この二系統はサメ、ゼブラフィッシュ、サケ等で確認されているが、サメではパラログな遺伝子として、ゼブラフィッシュではアリルとして存在し、その進化過程に興味をもたれる。メダカやツメガエルにおいては片方の系統の消失後、もう一方の系統において同様な機能分化を示すと思われる二型がアリルとして復活し、平衡淘汰により数千万年にわたり保持されている。本研究では、有顎脊椎動物の共通祖先が獲得した二系統の、アリルとしての起源を明確にするため、早期に分岐した条鰭類である古代魚ポリプテルスを材料に選び、PSMB8遺伝子を解析した。市販の7個体よりRNAを抽出し、縮退プライマーによるRT-PCR、及び5'-,3'-RACEにより両系統の遺伝子全長の塩基配列を決定した。系統解析により、同種の二系統はサメ等の二系統と同一の起源をもつことが示された。現在、同じ親由来の28個体を用いたタイピングにより、これらがアリル/パラログのいずれであるのかを検討している。

【OP2-10】 両生類有尾目アカハライモリにおける免疫プロテアソームサブユニットPSMB8遺伝子二型性の検証

○田中雄太¹、野中勝² (¹東海大・院工 ²東大・院理)

MHC class I 抗原ペプチドの生成に中心的な役割を担う免疫プロテアソームサブユニットPSMB8は、ゼノパスやメダカで20%もアミノ酸配列が異なる二型性を示す。二型間の違いのうち切断特異性に関わると考えられる成熟ペプチドのN末から31番目の残基の置換は特に興味深く、メダカではV/Y、ゼノパスではA/Fと、同じ傾向を示している。しかしながら、系統解析の結果はこれらの二型性が各々の系統で独自に形成されたことを示唆する。本研究ではPSMB8遺伝子の二型性の進化過程を明らかにする目的で、ゼノパスと同じ両生類に属し有尾目に分類されるアカハライモリのPSMB8遺伝子を解析した。その結果、31残基目のアミノ酸がAとFであるPSMB8の二型が確認された。両者はアミノ酸配列が91%一致し、系統解析の結果はこの二型性が無尾目と分岐した後、有尾目の系統で独自に生じたものであることを示唆した。また、全74個体の新潟県村上市産野生集団を用いた解析では、A型とF型の遺伝子頻度は約1:2であった。以上の結果は脊椎動物の進化過程で、同様な機能的差異を示すと思われるPSMB8の二型が独立に何度も生じたことを示している。

【OP2-11】 X染色体上のガン免疫抗原遺伝子群のゲノム構造と進化

○桂有加子¹・颯田葉子¹ (¹総研大・先導研)

本研究では、X染色体上のゲノム構造に着目して、ガン免疫抗原遺伝子群MAGE(melanoma antigen)の起源と進化をゲノム解析と分子進化的解析により明らかにすること試みた。MAGEは10の亜族からなる遺伝子族で、X染色体上のMAGE-A, B, CはHLAエピトープを生成し、ガン細胞を攻撃するガン免疫に必須だ。MAGEの起源は脊索動物にあり、哺乳類では、単孔類が常染色体(proto-X)に、有袋類がX染色体にMAGEオースログを1コピーもつ。有胎盤類の祖先でMAGE-Dのレトロトランスポジションにより、コピー数が増加した。特に、MAGE-Aは霊長類に特異的なゲノム重複によりコピーをさらに増やした。MAGE-Aを含む領域にはヒト特異的なバリンドローム(約100kb)があり、頻繁な遺伝子変換により、配列が均一化されていた。しかし、MAGE-A3とA6のHLAエピトープを産生する領域でのみ約2%の変異が維持されていた。MAGE-A3とA6は遺伝子変換を抑制する負の自然選択により、多種類のエピトープを産生するように進化したと推測する。

【OP2-12】 Inference for the initial stage of domain shuffling: tracing the evolutionary fate of the PIPSL retrogene in hominoids
○Kazuhiko Ohshima and Kumiko Igarashi (Nagahama Institute of Bio-Science and Technology)

Previously, we reported a unique mechanism of gene creation whereby new combinations of functional domains are assembled from distinct genes at the RNA level, reverse-transcribed, and integrated into the genome by the L1 retrotransposon. The novel gene PIPSL, created by the fusion of phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase (PIP5K1A) and 26S proteasome subunit (S5a/PSMD4) genes, is specifically transcribed in human and chimpanzee testes.

We present the first evidence for the translation of PIPSL in humans. The human PIPSL locus showed a low nucleotide diversity within 11 populations (125 individuals), compared with other genomic regions such as introns and overall chromosomes. 2 linked, amino acid-altering single-nucleotide polymorphisms (SNPs) were found in the PIPSL kinase domain of non-African populations. The relatively rapid expansion of this haplotype might indicate a selective advantage for it in modern humans.

During hominoid diversification, the S5a-derived domain was retained in all lineages, while the ubiquitin-interacting motif 1 (UIM1) in the domain experienced critical amino acid replacements at an early stage, being conserved under subsequent high levels of nonsynonymous substitutions to UIM2 and other domains, suggesting that adaptive evolution diversified these functional compartments. These and other observations provide a possible scheme of domain shuffling in which the combined parental domains are not tightly linked in the novel chimeric protein, allowing for changes in their functional roles, leading to their fine-tuning.

Mol. Biol. Evol. 27(8):1-12. 2010

一般口頭発表: OP3

- 【OP3-1】 更新世の気候変動に伴う遺伝子浸透：Cardamine bellidifoliaによるミヤマタネツケバナ（Cardamine nipponica）への一方向性遺伝子浸透
○池田啓¹、Carlsen Tor²、藤井紀行³、Brochmann Christian⁴、瀬戸口浩彰⁵（¹東京大・院理、²オスロ大・MERG、³熊本大・院理、⁴オスロ大・NCB、⁵京都大・院人環）

更新世における氷期-間氷期の気候変動のサイクルは、異所的に生育する分化した種同士を2次的に接触させることで、遺伝子浸透を促すものと考えられる。本研究では、日本固有の高山植物ミヤマタネツケバナ（Cardamine nipponica：アブラナ科）と、その近縁種で周北極地方に分布するC. bellidifoliaを用い、現在は異所的に生育する姉妹種の間で、気候変動に伴う遺伝子浸透が起きたことを実証することを目指した。両種の分布全域を網羅するサンプルを用い、10個の核遺伝子における塩基配列を決定した（約5800bp）。IMモデルに基づく種分化のパラメーター推定を行った結果、両種の分化は、約20万年前（リス-ミンデル間氷期）に起きたことが示された。そして、種分化の後には、C. bellidifoliaから北日本集団のミヤマタネツケバナへの一方向性の遺伝子浸透が起きたことが示された。ミヤマタネツケバナにおける南北集団の分化が約11万年前であることから、この遺伝子浸透はそれ以降に起きたものと考えられる。また、C. bellidifoliaが、現在、日本列島に分布していないことから、氷期に両種の分布が拡大することで、遺伝的交流が可能となったものと考えられる。さらに、C. bellidifoliaの遺伝的組成には遺伝子浸透の影響がないことから、現在ミヤマタネツケバナが分布している地域で遺伝子浸透が起きたと考えるのが妥当である。これらのことから、ミヤマタネツケバナへの遺伝子浸透は、C. bellidifoliaが最終氷期に北日本まで分布を広げたことで起きたものと示唆される。

- 【OP3-2】 パナマ地峡の形成による海産巻貝の種分化
三浦 収（京大・院地球環境）

太古の昔、現在のパナマ周辺地域は海底に沈んでおり、太平洋と大西洋は一つの大海を成していた。しかし、約300万年前に起こった土地の隆起と海面の低下により現在のパナマ地峡が形成され、大海は分断された。この大規模な地理的変化により、アメリカ大陸沿岸に生息する多くの海の生物が異所的な種分化を遂げたことが知られている。そこで本研究ではアメリカ大陸沿岸に生息するCerithideaとCerithium属の巻貝に着目し、パナマ地峡の形成がこれらのグループの多様化にどのような影響を与えたのかを調査した。分子遺伝学的手法を用いてこれらの巻貝の多様化の履歴を推定したところ、4組の巻貝が太平洋と大西洋にそれぞれ隔離され種分化していたことが明らかとなった。面白いことに、これらの地理的姉妹種の分岐年代は大きく異なっており、マングローブ林に生息する地理的姉妹種が最後に分岐していたことが分かった。比較的水深のある所に生息する生物は地峡の隆起の影響をより早い段階で受けるのに対して、潮間帯最上部であるマングローブ林に生息する生物はパナマ地峡が完全に形成されるまで隔離を受けなかったと考えられる。

- 【OP3-3】 東ポリネシアへの複数回にわたる独立な進出から明らかになる絶対送粉共生系（カンコノキ属、ハナホソガ属）の進化動態
○David Hembry¹、岡本朋子²、川北篤³、Bruce Baldwin¹、加藤真⁴、Rosemary Gillespie¹（¹University of California, Berkeley、²JT生命誌研究館、³京大・生態研、⁴京大・地球環境学堂）

Multiple non-congruent colonizations of Eastern Polynesia reveal evolutionary dynamics of a specialized pollination mutualism.

Coevolution between species is widely considered an important factor in the generation and maintenance of biodiversity on earth. The specialized pollination mutualism between Phyllanthaceae plants (Phyllanthaceae) and Epicephala moths (Lepidoptera: Gracillariidae) is increasingly used as a model to understand coevolutionary diversification. Epicephala moths are the sole pollinators of many Phyllanthaceae, but the plants lose a subset of their seeds to the moths' larvae. Furthermore, this interaction is highly species-specific, such that each plant species is pollinated by one or a few species of moths and vice versa. We examine the roughly 25 species of Glochidion (Phyllanthaceae) and their pollinating Epicephala moths in Eastern Polynesia (French Polynesia and the Cook Islands, South Pacific). These islands are thousands of kilometers from continents, and all Glochidion species in this region are endemic to single archipelagoes or islands. Molecular phylogenetic analyses suggest that both Glochidion and Epicephala have colonized Eastern Polynesia multiple times, but that these colonizations are not congruent. This suggests that host associations in obligate mutualisms can be highly dynamic over evolutionary time, and that these host shifts may be an important factor in diversification.

【OP3-4】 日本に生息するカイコの野生種であるクワコ (*Bombyx mandarina*) の地理的分化について

○行弘研司¹、岩田和也¹、河本夏雄¹、富田秀一郎¹、門野敬子¹、木内信¹、伊藤雅信²、伴野豊³ (1.生物
研、2.京都工織大、3.九大農)

我々は、カイコ雌成虫を用いたフェロモントラップ法によりクワコ雄成虫を広範囲にわたって採集している。25集団1508サンプルからゲノムDNAをえて、これを鋳型としたPCRによりミトコンドリアCOI遺伝子のDNA断片(739bp)を増幅し塩基多型の解析を進めている。現在までに、68の変異サイトが特定され、これをもとにして74のハプロタイプが確認された。このうち、約半数の38はシングルトンであったが、2つのハプロタイプHap1と2が全体の60%以上を占めていた。全集団を対象としたハプロタイプ多様度は0.7152、塩基多様度は0.0016と推定された。また、全ての集団で確認されるハプロタイプは存在せず、特にHap 1とそれから派生したハプロタイプは西日本の集団に高頻度で分布しており、集団間の遺伝子交流が不十分であることが示唆された。これらの結果をもとに、日本産クワコの地理的分化について考察する。

【OP3-5】 ナカハグロトンボとコナカハグロトンボの個体群構造と遺伝的構造

菅家恵未¹、鈴木浩平²、鈴木智也²、関根一希³、○東城幸治⁴ (1北大・院環、2信大・院工、3信大・院総工、4信大・理)

ナカハグロトンボ *Euphaea formosa* とコナカハグロトンボ *E. yayeyamana* (ミナミカワトンボ科) は近縁種であり、ナカハグロトンボは台湾島の固有種、コナカハグロトンボは石垣・石表島の固有種である。ともに溪流的ハビタットを好み、定着性が強く、移動・分散能力は高くないと考えられる。今回、ナカハグロトンボの台湾島内8個体群80個体、コナカハグロトンボの石垣島内12個体群109個体、および西表島内9個体群105個体のmtDNA (COI領域) の塩基配列を比較検討した。結果、台湾産ナカハグロトンボの遺伝的多様性は低く、直線距離で約300kmも離れた2地点間でも同一ハプロタイプが認められた。一方、台湾島の約1/130程度の島面積である石垣島と西表島のそれぞれのコナカハグロトンボにおいては、いずれも島内の遺伝的多様性が高いことが示された。また、直線距離で30kmほどしか離れていない石垣-西表島間でのハプロタイプの共有は認められず、島間での遺伝的分化が生じていることが示された。一般には小さな個体群ほど遺伝的固定化が進むものと考えられる中で、本結果は興味深い事例であると考えられる。

【OP3-6】 小笠原固有種オガサワラネプトクワガタはどこから来たか？

松浦 宏典[○]、川添 和英、熊澤 慶伯 (名古屋市立大学 システム自然科学研究科)

ネプトクワガタ属 (甲虫目、クワガタムシ科) は東洋区に多様性の中心があり、これまでに約200種が記載されている。数多くの島々からなる東アジア島嶼部にはネプトクワガタおよびオガサワラネプトクワガタの2種が分布している。これら2種のネプトクワガタ属は東アジア島嶼部において地域ごとに著しい形態的分化を遂げており、計14亜種に分類されている。オガサワラネプトクワガタは海洋島である小笠原諸島の固有種であり、形態的に特化した形質を有しているが、その起源や近縁種間における系統的位置付けについてはこれまで十分検討されてこなかった。そこで、本研究ではオガサワラネプトクワガタの祖先グループの推定を目的とし、ネプトクワガタ10亜種 (本州~琉球列島、伊豆諸島産) とオガサワラネプトクワガタ2亜種 (母島、父島産) の計12亜種を用いてミトコンドリアDNAの塩基配列に基づいた東アジア産ネプトクワガタ属の系統関係の推定を試みた。本研究の結果、オガサワラネプトクワガタはネプトクワガタのうち小笠原諸島と地理的に近い日本本土周辺の各亜種と近い類縁関係にあることが明らかとなり、オガサワラネプトクワガタは日本本土周辺産各亜種との共通祖先から分化してきたことが示唆された。

【OP3-7】 複数の核遺伝子による有翅昆虫のペーサルクレードの系統解析

○石渡啓介¹、宮田隆²、蘇智慧^{1,2} (1 阪大・院理、2 JT生命誌研究館)

昆虫類 (六脚類: Hexapoda) は地球上でもっとも繁栄した動物群であるが、そのうちの約99%は有翅昆虫類である。有翅昆虫類は28目に分類されており、トンボ目とカゲロウ目からなる旧翅類とこれら以外の26目が含まれる新翅類とにわけられる。有翅昆虫のペーサルクレードであるトンボ目、カゲロウ目、新翅類の系統関係について、これまでに化石等の古生物学的な証拠や形態形質による分岐分類、比較発生、分子系統から様々な研究が行われてきたが、考えられる三通りの系統関係がそれぞれ支持されておりコンセンサスが得られていない。この問題に関して、わたしたちはこれまでにタンパク質をコードする三つの核遺伝子 (DPD1, RPB1, RPB2) を用いて解析を行ったところ、旧翅類の単系統性が支持されたが、系統樹の信頼性が低く結論には至っていなかった。今回は新たに二つの核タンパク遺伝子 (RPC1, RPC2) を追加して解析を行った。その結果、これまでの結果が支持され、その信頼性も高くなり、分子情報を追加することによってこの問題の解決が可能であることが示された。

【OP3-8】 海洋プランクトン・浮遊性有孔虫における左右二型集団の遺伝的進化

○氏家由利香¹、Frédéric Quillevère²、浅見崇比呂¹ (¹信州大・理・生物、²University of Lyon)

浮遊性有孔虫は、地球上の全海洋に分布する原生物（単細胞）の動物プランクトンである。有孔虫の炭酸塩殻は、微化石として海成層から普遍的に産出するため、地球科学で多用されてきた。従来、浮遊性有孔虫の種は、殻の形態的特徴を基に分類され、同じ形態種の殻の巻き方向（左巻きと右巻き）は、古環境の水温を反映する環境指標として使われてきた。しかし遺伝子解析の導入により、形態種には3倍以上の種数の生物学的種が含まれ、左右極性が環境変異とはいえない可能性が指摘されてきた。本研究では、巻き方向に左右二型のある形態種*Globorotalia truncatulinoides*について、全海洋から採取した生体の分子系統解析を行い、左右極性の系統関係を調べた。その結果、*G. truncatulinoides*の5つのクレードは、地理的分布が異なり、左右二型は、生物学的種内の変異であることがわかった。さらに、左右二型の空間分布は、水温の分布とは対応しないことが明らかになった。浮遊性有孔虫では初めて、単一遺伝子による左右極性変異の遺伝モデルの妥当性を検討し、左右極性の進化について考察する。

【OP3-9】 Evolutionary History of Wild and Cultivated Asian Rice Deciphered by Gene Tree Discordance Analysis

○Ching-chia Yang^{1,2}, Hiroaki Sakai², Takeshi Itoh² (¹Grad School Frontier Sci, Univ Tokyo, ²Natl Inst Agrobiol Sci)

A general method to infer phylogenetic relationship is to reconstruct gene trees from several gene sequences, which can be used to infer one possible species tree. It is straightforward to consider that with a large number of sequences, a reliable species tree will be obtained. However, several studies on closely-related species have shown that with increasing amounts of molecular data, trees from different sets could result in conflicting branching patterns, which are known as gene tree discordance. Taking gene tree discordance into consideration, we aim to reveal the precise evolutionary processes of Asia-originated rice cultivar *Oryza sativa* and its wild progenitor *O. rufipogon* with large-scale sequence data. Gene tree discordance was observed as expected and our analysis suggested that except for lineage sorting, gene tree discordance of these three species was also contributed by hybridization between japonica and indica after the divergence of *O. rufipogon* and japonica. In addition, the pedigree of this indica cultivar showed strong evidence that at least one hybridization event occurred between cultivars of japonica and indica. We discuss the importance of gene tree discordance.

【OP3-10】 栽培イネと野生イネの分子系統解析：葉緑体DNAを用いた古イネDNA分析のリファレンス作成

○熊谷真彦¹、王瀝²、植田信太郎¹ (¹東大・院理、²中国科学院)

作物の栽培化過程を研究することは生物進化を考える上で重要である。アジアにおけるイネ (*Oryza sativa*) の栽培化は約1万年前に始まったと考えられている。栽培イネの進化史を明らかにする上で、遺跡から出土する古代のイネ（炭化米）のDNA分析を行うことにより、直接的な知見を得ることができる。遺存体の古DNAは損傷を受けており分析は困難であるため、多コピーであるオルガネラDNAが通常用いられる。古DNAの分析を行うにあたり、現生イネの遺伝的多様性の情報がリファレンスとして不可欠であるがこれまで十分な解析がされていない。そこで現生のアジア栽培イネおよび野生イネ216系統について葉緑体ゲノム中の多変異領域の塩基配列（約5kb）を決定し分子系統解析を行ったところ、ジャポニカは単系統性を示したが、インディカは多系統性を示し多様な母系祖先を持つことが明らかとなった。この解析から得られたマーカーを用いて中世および弥生時代の遺跡から出土した古イネDNA分析を試み、成功した。また、近年報告されている栽培化関連遺伝子の中でコメの白色化に関わる遺伝子Rcとコメの幅に関与する遺伝子qSW5について現生イネを用いた系統解析を行った結果を合わせて議論する。

【OP3-11】 海産渦鞭毛藻感染性ウイルスと家畜病原性ウイルスの進化系統関係

○長崎慶三¹、豊田健介¹、中山奈津子¹、外丸裕司¹、Jean-Michel Claverie²、緒方博之² (¹ 水研セ・瀬戸内水研、² 仏・CNRS)

20世紀末に、自然水中のウイルスが $10E5-8/ml$ という高密度で存在することが明らかにされ、それらの生態学的役割が注目されてきた。その一部は微細藻類に感染するウイルスであり、既に約40種類が単離されている。渦鞭毛藻は珪藻と並んで膨大なバイオマス・多様性を誇る重要な藻類グループである。本講演では渦鞭毛藻とウイルスの関係に関する既往知見、とくに有害赤潮渦鞭毛藻ヘテロカプサ・サーキュラリスカーマに感染する大型dsDNAウイルス (HcDNAV) の性状を概説する。HcDNAVは直径 $0.2\mu m$ の大型球形ウイルスであり、約356kbpのdsDNAゲノムを持つ。HcDNAVは、同じ宿主に感染するssRNAウイルス(HcRNAV)に比べ株特異性が低く、その感染機作も異なる。DNAポリメラーゼの配列に基づく系統解析の結果、HcDNAVはASFV (アフリカ豚コレラウイルス) と単系統性を示し、他のdsDNAウイルス群とは系統的に全く異なる枝に位置した。今後、本種以外のアルベオラータ生物群を宿主とするウイルスの解析が進むことで、今回示された系統関係の合理性に関する考察が可能になるものと期待される。

【OP3-12】 ベイズ法による種の分岐年代推定に化石制約が及ぼす影響

○井上 潤¹、Donoghue Philip²、Yang Ziheng¹ (¹ University College London, ² University of Bristol)

種の分岐年代を推定する際、ベイズ法は分子データや化石データなど性質の異なる情報を有効に利用することができる。実際、現時点でベイズ法は、実際の分岐年代と化石年代のタイムラグを解析に反映できる唯一の年代推定方法である。我々は、ベイズ法に基づく分岐年代推定プログラムである MULTIDIVTIME と MCMCTREE を用いて、両生類、条鰭類、ネコ科のデータセットを再解析した。そして、年代推定に影響があるとされる要因(進化速度や分岐年代、化石制約、塩基置換モデル、分子時計の変動、分岐間の進化速度差異の調節などの事前分布、および尤度の概算など)のうち、どれが結果に大きな影響を及ぼすのか検証した。その結果、化石記録に基づく制約が、推定年代に最も大きな影響を及ぼすことが示された。特に、下限制約に施す事前分布によって、得られる結果が大きく左右されることが明らかになった。我々が得た結果は、分子年代推定では化石制約が極めて重要であることを示している。種の分岐年代推定に利用可能な化石情報を統計的にまとめるために、化石がどのように堆積・保存され、そしてサンプリングされるのかを示す確率モデルが必要である。

一般口頭発表: OP4

【OP4-1】 車輪樹法：曖昧な進化系統解析結果をどう認識するか

○岩崎渉¹、高木利久¹⁻³ (¹東大・新領域・情報生命, ²情・シ機構 ライフサイエンス統合DBセ, ³遺伝研)

進化系統解析では通常、一つの確かな系統樹が推測されることはまれで、複数の候補系統樹群が推定される。特に近年では、人類が利用可能な全配列情報であるゲノム情報を用いた解析を行った場合でも、しばしば複数の候補系統樹が得られることが明らかになってきた。このことは、進化系統解析において曖昧性が不可避であり本質的なこと、すなわち、一般に進化系統関係は単一の系統樹によってではなく複数の可能な系統樹群として表現され、理解されるべきであることを意味している。しかし、人間にとって複数の系統樹に含まれる情報を一度に把握し認識することは、極めて難しい作業である。そのため一つの系統樹によって進化系統関係を認識することがよく行われるが、この場合、仮にブートストラップ値や事後確率などを表示したとしても、進化系統関係に関する多くの情報が失われてしまう。この情報の損失・偏りは、近年のように系統解析が大規模になり可能な系統樹の形が指数関数的に増大するにつれて、特に大きな問題となる。我々が今回開発した車輪樹法は、これら曖昧な進化系統解析結果を情報豊かに、偏り無く、かつ直感的に表現するものである。

【OP4-2】 Statistics of Nucleotide Configurations (SNC): a New Method for Reconstruction of Phylogenetic Trees from Large Multiply Aligned Sequence Data

○斎藤成也¹、Kirill Kryukov¹ (¹ 国立遺伝学研究所)

We are developing a new heuristic method to reconstruct phylogenetic trees from many and long multiply aligned nucleotide sequence data with considerably short computation time. Nucleotide sites are classified into series of nucleotide configurations, and their frequencies are compared to infer the phylogenetic structure of the sequences in question. A nucleotide configuration that consists of n sequences with minor frequency nucleotide and $N-n$ sequences with the majority nucleotide is called n -ton ($n < N/2$). We first eliminate invariant sites ($n = 0$) and singletons ($n = 1$), then examine doubletons ($n = 2$). The frequency distribution of doubletons indicate the magnitude of treeness for the given sequence data. If high frequency doubletons are mutually compatible, treeness is high, while mutually incompatible doubleton sets can be produced by parallel changes or reticulated evolution such as recombination. Torso distances (computed after singletons are eliminated) between sequences forming doubletons are computed, and they are used for inferring if they are neighbors or not, for the expected distance for real neighbors should be zero. Positive distances for neighbor candidates suggest existence of parallel changes. When nucleotide configurations of sequence pairs that form doubletons are inconsistent with those of major doubletons and when their distances are large enough, these doubletons suggest phylogenetic noises (parallel changes). Sites with these noisy doubletons are eliminated and site with signal doubletons are kept. We then proceed to examination of n -tons ($3 < n < N/2$) in a similar fashion. This recursive procedure can create phylogenetic trees within short computation time even for many and long nucleotide sequence data. Because statistics of nucleotide configuration is mostly used in this new method, we named this SNC.

【OP4-3】 系統解析用オーソログデータセット作成法の開発

○堀池徳祐¹、宮田大輔²、葉袋良一¹、館野義男³ (¹静岡大・GRL, ²千葉商科大・商, ³遺伝研・DDBJ)

近年ゲノム配列が決定される生物は増加し続け、これまで少数の遺伝子やタンパク質の配列を用いた分子系統に頼っていた生物群の系統解析も大規模な情報(ゲノムにコードされるすべての遺伝子領域など)を用いて行えるようになりつつある。このような大量データを対象とした解析ではゲノム上のパラログの有無を把握できるため、PCRの増幅に頼ったオーソログ配列収集よりもオーソログデータセットの信頼性は高いと考えられる。現在、MBGD (Microbial Genome Database)やCOG (Clusters of Orthologous Groups)などのオーソログデータベースが公開され、タンパク質機能予測等の目的で良く用いられているが、アウトパラログを含む為に生物種の系統解析には向いていない。以前の我々の研究ではアウトパラログを検出し、系統樹を切り分けることで系統解析用のオーソログデータセットを作成したが、手作業による労力が大きかった。本研究ではアウトグループの情報を用いることにより、自動で配列データから生物種系統解析用のオーソログデータセットを作成する方法を開発した。

- 【OP4-4】 The pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*: an emerging model organism for ecological, developmental and evolutionary studies
○重信秀治¹ (1基生研・機能解析セ)

Aphids exhibit unique attributes, such as polyphenisms and specialized cells to house endosymbionts, that make them an interesting system for studies at the interface of ecology, evolution and development. The newly released 464 Mb draft genome sequence of the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*, provides unique opportunities to address these topics that cannot be studied in other model systems.

The genome analysis of the pea aphid, in consort with that of bacterial symbiont, *Buchnera aphidicola*, revealed the remarkable interdependency between the two organisms. Genetic capacities of the pea aphid and the symbiont for amino acid biosynthesis are complementary. The IMD antibacterial immune pathway is missing several critical genes, which might account for the evolutionary success of aphids to obtain beneficial symbionts. We found several instances of lateral gene transfer from bacteria to the pea aphid genome. Some of them are highly expressed in bacteriocytes

Aphid-specific gene duplications have occurred in genes of broad range of functional categories, which includes signaling pathways, miRNA machinery, chromatin modification and mitosis. It is the post-genomic challenge to understand how the gene duplications account for the aphid polyphenisms: winged and unwinged; sexual and asexual development.

- 【OP4-5】 人はなぜ賢くなったのか？

○中橋渉 (明治大・先端数理)

人類の最大の特徴の一つが大きな脳であり、これがなぜ進化したのかは人類学上の難問である。人類の大繁栄をもたらせた高い学習能力は大きな脳により支えられていると考えられるが、脳の発達および維持には多大な負担がかかるため、大きな脳は必ずしも有利ではない。近年の古人類学的研究から直立二足歩行は脳の増大に数百万年先行することが分かっており、直立二足歩行を行うようになったことで脳の増大が促されたという従来の見方は再考を迫られている。本研究発表では、脳の増大を学習能力の上昇という観点でとらえ、どのような場合に高い学習能力の進化が促されるかを数理モデルによって検証することで、人類の大きな脳の進化要因を考察する。また、学習能力には大きく分けて、試行錯誤・直観などにより自ら情報を獲得する「個体学習」と、観察・模倣などにより他者から情報を獲得する「社会学習」がある。人類は、個体学習・社会学習ともに秀でているが、どちらの能力の進化が先行したのかは大きな謎である。特に人類特有の高い社会学習能力がなぜ進化したのかは、言語の起源論争とも相まって、極めて重要な問題である。本発表では、この問題に関しても議論する。

- 【OP4-6】 哺乳類ゲノムにおける系統特異的高度保存非コード領域の進化

○高橋真保子¹, 斎藤成也^{1,2} (1総研大遺伝学専攻, 2 遺伝研集団遺伝)

近年、脊椎動物のゲノム上に、高度に保存された非コード領域 (CNS: Conserved Noncoding Sequence) が同定され、CNS内に多数の遺伝子制御領域が存在することが明らかにされた。これらの広範な生物種に見られるCNSに対し研究が多くなされる一方、霊長類や齧歯類といった進化的に新しい系統のみに見られるCNSに対する研究はほとんどなされていない。このような新しい系統に特異的なCNSを同定し、その特徴を起原の古いCNSと比較すれば、その系統への進化の原因を解明できる可能性がある。そこで我々は、新しい系統として霊長類 (ヒト、オラングタン、アカゲザル)、齧歯類 (マウス、ラット) にそれぞれ特異的なCNSを、11種の脊椎動物ゲノムに対してMageBlast検索を行うことで同定した。霊長類特異的CNS (227個)、齧歯類特異的CNS (375個) の周辺には、転写制御や発生に関与する遺伝子が有意に多く存在し、また、その同義置換率はゲノム内の全遺伝子より有意に低かった。これらの特徴はすでに報告されている起原の古いCNSと一致するため、我々が同定した領域は系統特異的に新たに生まれたCNSであると考えられる。これらのCNSが進化の過程でそれぞれの系統に特異的な特徴を形成してきた可能性がある。

【OP4-7】 RNAスプライシング機構の進化：スプライシング因子保存性についての網羅的解析

○嶋田誠¹、内山郁夫²、前田明¹（¹藤田保衛大・総医研、²基生研）

RNAスプライシングは真核生物全体で見られる機構であるが、その機構についてはコウボ菌等一部の菌類や後生動物での知見に限られている。我々はRNAスプライシング機構における真核生物内での多様性についての知見を得る目的で、主要なRNAスプライシング機構に関係の深い約200種類のタンパク質の保存性を、真核生物全体を代表する23種のゲノム情報をもとに、BLASTPやRECOGを利用して調べた。

その結果、RECOGを使うことで、広範な系統群から目的のタンパク質をドメインごとに分けてオロソログを短期間に得ることができた。得られたヒトの193のタンパク質ドメインのオロソログのうち、最も多く保存されていたのは調査対象種中ヒトに最も近縁なショウジョウバエで174ドメインであったが、逆に微胞子虫の44ドメインが最少であった。また、後生動物3種、2種およびヒト1種に特異的な出現はそれぞれ6、6、11ドメインであった。これらの結果から、スプライシング因子は真核生物中の広い分類群で保存され、ヒトに至る系統で系統特異的な因子は少数であること、寄生性の種では系統にかかわらず、オロソログが少ない傾向が示唆された。

【OP4-8】 ピロリ菌10株のゲノム比較によるゲノム再編の検出

河合幹彦¹、○古田芳一²、矢原耕史³、鶴剛史⁴、高橋規子²、半田直史²、大島健志朗²、服部正平²、吉田優⁵、東健⁵、内山郁夫¹、小林一三²（¹基生研、²東大・院新領域、³久留米大・院医、⁴東大・院理、⁵神戸大・院医）

Helicobacter pylori は胃炎・潰瘍・胃がんの主要原因であり、そのゲノムの可塑性が高いことが知られている。特に東アジア株は胃がんを起こす頻度が高いと推測されており、その原因の解析が盛んに行われている。我々は日本人患者由来のピロリ菌4株のゲノムを解読し、既にゲノム配列の公表されている他の6株とのゲノム比較解析を行った。ゲノム中のコア領域をRECOGにより取り出し、それを用いて得られた系統樹は、従来のMLSTを用いて描かれたものよりも正確なものとなり、同種多数株のゲノム解析の有用性を示した。大局的なゲノム再編を、逆位の組み合わせとしてMGRを用いて再構築を行った。その逆位の点には、長い逆向き繰り返し配列が見出されるものがあった他（80-1000 bp）、制限修飾系遺伝子も多く見られ、逆位形成との関連が示唆された。制限修飾系について解析した結果、異なる制限修飾系が同じ順向き繰り返し配列に挟まれているケースも見つかり、繰り返し配列を用いた相同組換えによる制限修飾系獲得のメカニズムが示唆された。他の可塑性領域や遺伝子についても報告する予定である。

【OP4-9】 tRNADB-CEを用いたメタゲノム配列データに対する新規分子系統マーカーとしてのtRNA遺伝子の利用

○阿部 貴志¹、井口 八郎¹、上原啓史¹、山田優子¹、武藤昱²、池村淑道¹（¹長浜バイオ大学、²弘前大学）

現時点で知られている全tRNA遺伝子の俯瞰的把握を目標に、原核生物の完全長とドラフトゲノム、ならびに約1700万のメタゲノム配列を対象にtRNA遺伝子を探索し、実験系シニア研究者が精査した信頼性の高いtRNAデータベース tRNADB-CEを公開してきた(Abe et al. *Nucleic Acids Res.* 2009, 37, D163-D168)。

メタゲノム解析が大規模に実施されているが、大半の配列は生物種情報等の記述なしに公開されている。新規性の高い遺伝子類では、オーソログ配列セットが存在せず、配列相同性検索では各配列の生物系統推定が困難である。大量メタゲノム配列を対象にtRNA遺伝子を探索したところ、15万件を超える遺伝子を見出した。既知生物由来tRNA遺伝子を対象に、系統保存性を確認したところ、配列一致度が高い場合に、高い系統保存性が確認され、tRNA遺伝子を用いた系統推定が可能なが判明した。従来法のようにrDNAからのPCR産物の配列決定を行うことなしに、各環境中の微生物群集構造の概要を明らかにでき、tRNA遺伝子に隣接する有用遺伝子についての系統情報も得られる。

【OP4-10】 マイクロRNA遺伝子族による遺伝子制御網構成の特質

○岩間久和¹、村尾孝児²、井町仁美³、石田俊彦⁴（¹香川大・総合生命科学研究センター、²香川大・医、³香川大・医、⁴香川大・医）

マイクロRNA (miRNA) 遺伝子族と転写因子遺伝子群は主要な2つの遺伝子制御網を形成する。しかし、miRNAと転写因子とでは、その進化的背景と分子生物学的機序を異にしている。今回、miRNAと転写因子が遺伝子制御網において果たす寄与の違いについて定量的に明らかにすることを目的として、miRNAと転写因子が協調的に遺伝子制御の役割を果たす回路に着目し解析を行った。ヒトとマウスで保存された転写因子結合サイトを約12万5千、miRNAターゲットサイトを約4万5千同定し、ヒトにおける遺伝子制御網を転写因子によるものと、マイクロRNAによるもののそれぞれについて1/0の行列で示した。それらの行列を個別にdegree-preservingな方法でランダム化し、実際の制御網と比較することにより、miRNA遺伝子族と転写因子群の構成のされ方を定量的に比較した。結果、miRNAによる制御網は、安定した転写因子の制御網に従うように大きく変化し、その際、回路の冗長性が有意に増加し、同時に、ターゲットとなる遺伝子レポーターが有意に削減されることが明らかになった。結果に基づき進化的意義について論じる。

【OP4-11】 多種間全タンパク質クラスタリングに基づく光合成生物の系統特異的タンパク質の検出と進化史の推定

佐藤直樹（東大・総合文化）

進化学の一つの課題は、すべてのタンパク質の進化史を解明することである。これには異なる生物のタンパク質の系統関係を明らかにする必要があるが、通常の系統解析は予め近縁関係と分かったタンパク質を扱う。その前段階として、系統関係のあるタンパク質を、多種生物のゲノムにからまともて取り出す必要がある。これまでのゲノムウェブサイトでは、双方向ベストヒットに基づく不満足なオルソログしかない。タンパク質機能分類の標準として使われるCOGは、3系統以上で保存されたタンパク質しか含まれない上に、元データの少なさと恣意的なクラスタリングが問題であった。私は数年前から多種間タンパク質クラスタリングソフトウェアGclustを開発してきた。この特徴は、総当たりBLASTPの結果を入力として、ゲノムあたりのホモログ数を最小限に抑えながら自動的に最適なクラスターをつくることである。これに基づき、光合成生物のタンパク質を、共通祖先起源、共生起源、真核起源と系統に従って分類し、タンパク質の進化史を網羅的に解明した。本手法はCOGに代わる一般的手法として、新型シーケンサデータの自動アノテーションにも活用できる。

【OP4-12】 Genome Composition Database

○Kirill Kryukov^{1,2}, Kenta Sumiyama¹, Kazuho Ikeo², Takashi Gojobori² and Naruya Saitou¹ (¹Division of Population Genetics, National Institute of Genetics; ²Human Genome Project, National Institute of Genetics)

An organism complexity is closely related to the complexity of its genome organization. How did the complexity appear? We constructed a new database to understand this through statistical analysis of the whole genome composition. We approximated available complete genomes with a series of composition models: Uniform, Mononucleotide, Dinucleotide, Trinucleotide and Tetranucleotide. Then we compared the actual genome composition with those models, to obtain a measure of genome complexity.

We compared the actual frequencies and spacing patterns of all oligonucleotides of up to 10 bp with those predicted by the models. Goodness of fit of each model to the actual genome composition is used as a measure of genome complexity: If many oligonucleotides in a genome have properties (frequencies and spacing patterns) that are hard to predict by a model, it means that some complex mechanism is affecting those properties. We observed that more complex organisms generally have more complex genome structure. There is a big gap between vertebrates and invertebrates – vertebrate genomes are much more complex. Also we could identify several smaller gaps, for example the one between fishes and land vertebrates.

In addition to providing the overall comparison between genomes in terms of complexity, our statistics allows to identify unusual oligonucleotides. Such oligonucleotides are likely to have a function associated with them, and thus they are a worthy targets for more close investigation. Repeat structure, such as Alu sequences of primate genomes, is an example of pattern that is hard to predict by a statistical model trained on short fragments. However repeats can not be taken as a sign of complexity. On the other hand, existence of very rare, or underrepresented oligonucleotides, is a possible indication of potential function, and a good indication of complexity. For every genome in our analysis and for every statistical model we created we provide the separate lists of over- and underrepresented oligonucleotides ready for any further analysis.

Other than comparing the whole genomes, the database can be used to analyze the partial sequence datasets of interest. For example, we compared the composition of human-mouse ultraconserved sequence dataset to the composition of various whole genomes. The comparison reveals that the ultraconserved sequences are compositionally close to fish, chicken and lizard, and very different from human and mouse genomes. This can be used as a new approach to investigate the origin of various sequence features.

The database is available online at <http://esper.lab.nig.ac.jp/genome-composition-database/>

一般口頭発表: OP5

【OP5-1】 偽遺伝子化と人類進化

○ 颯田葉子¹、川嶋彩夏¹、井川武² (1総研大・先導研、2広大・院理)

偽遺伝子は機能を失った遺伝子である。しかし最近の研究では、この偽遺伝子、あるいは偽遺伝子化することの生物学的な意義がいくつかの例で示される様になり、その進化における役割についても以前とは異なる捉え方がされる様になりつつある。このような状況のもとで、人類進化での偽遺伝子の役割を明らかにするために、ヒトゲノム中のヒト特異的偽遺伝子を網羅的に探索した。既にいくつかの先行研究で、ヒト特異的偽遺伝子がリスト化されており、これらをまとめると偽遺伝子の数は120を超える。これらの偽遺伝子を詳しく調べてみると、機能を補うことのできる可能性のある重複遺伝子の存在する例や、他の霊長類で独立に偽遺伝子化している例が多数含まれており、真にヒト特異的である偽遺伝子はわずかであった。本発表では、このようなヒト特異的偽遺伝子の分類について紹介し、さらに、真にヒト特異的である偽遺伝子、他の霊長類とヒトで独立に偽遺伝子化している偽遺伝子についての解析結果を報告する。特に、これらの遺伝子産物の生理学的役割をもとにこれらの偽遺伝子化の人類進化における生物学的意義を議論する。

【OP5-2】 ミトコンドリアDNAから見たメソアメリカ地域先住民集団-1

○ 水野文月¹、五條堀淳²、王瀝³、大西啓介⁴、杉山三郎⁵、Victor Acuna⁶、植田信太郎⁷ (1,4,7東大・理・人類、²総研大・葉山、³中国科学院、⁵愛知県立大学大学院国際文化研究科、⁶メキシコ国立人類歴史学院)

メソアメリカは、古代文明が独自に栄えた地域として(メキシコの大部分、グアテマラ、ベリーズ、エルサルバドル、ホンジュラス西半分までの)文化的概念から名付けられた地域を指す。この地域は、アメリカ大陸におけるヒトの移住の歴史において中継地点として重要な役割を果たしてきたと考えられ、地理的なボトルネックや、北アメリカと南アメリカの間で限られた遺伝子流動があったと推測される。アメリカ大陸の様々な先住民集団に関する先行研究から、メソアメリカは南北アメリカとは異なる、複雑な遺伝的背景を持つことが示唆されている。そこで、メソアメリカ地域の遺伝的特徴を明らかにするために、メソアメリカ地域の先住民集団であるマサウア25個体、サポテカ88個体について、ミトコンドリアDNA全塩基配列を決定し解析をおこなった。その結果、同じサブハプログループに属する個体でも、マサウア特異的、サポテカ特異的なSNPが観察された。また、ハプログループの頻度分布について、他の先住民集団との比較解析をおこなったところ、マサウアとサポテカでは異なる傾向が見られた。

【OP5-3】 ミトコンドリアDNAから見たメソアメリカ地域先住民集団-2

○ 五條堀淳¹、水野文月²、王瀝³、大西啓介²、杉山三郎⁴、Victor Acuna⁵、植田信太郎² (1総研大・葉山、²東大・理・人類、³中国科学院、⁴愛知県立大・院・国際文化、⁵メキシコ国立人類歴史学院)

現代人(ホモ・サピエンス)のアメリカ大陸への移住に関しては、東アジアからベーリング海峡を渡って来た事が示唆されている。しかし、その移住の時期や規模、回数については未だはっきりした結論を得られていない。本研究では、アメリカ新大陸において比較的ヒトの遺伝学的データが少ない中央アメリカに着目した。メキシコのサポテカ、マサウアの各集団についてミトコンドリアゲノム全塩基配列を決定し、現代人のアメリカ大陸への移住の時期と規模の推定を行った。これらの集団はヨーロッパ人との混血が無い集団とされ、現代人のアメリカ大陸への移住に関して遺伝学的な知見を得るのに有力な集団データとされる。本研究の結果から、現代人のアメリカ大陸への移住は1回の移住で説明される事が示唆され、その時期は最終氷河期極大期の終わり頃から始まり、その規模は女性の有効集団サイズで数千人ほどと推定された。

【OP5-4】 Swadesh基礎100語彙中の身体部分名称の比較に基くユーラシア諸言語の南島語族起源性

○大西耕二（新潟大・元教授）

Eurasiaの多くの言語が南島語族(AN)と基礎語彙を共有する(Ohnishi,'99)が、日本・琉球語(JR)とAN、印欧語族(IE)とANの間(Artif.Life Robotics:14(2), 545, 567, '09)や、アイヌ語とANの間(沖縄言語センター資料, #179,1-23,'09)にはほぼ全面的な子音対応法則が成立し、語族間の厳密語彙比較が可能となった。本研究ではSwadesh基礎200語彙中の身体部分名称28語彙項目について、“意味変換をも含む最酷似型同祖語彙”のTryon('95)の80AN言語における分布からEurasia諸言語の起源を解析し、結果を得た。ウラル語族フィン語は19項目中の14項目が西オセアニア諸語(W.Oc)の北ニューギニア語分枝(N.NG)と最酷似し、ドラヴィダ語族タミル語もW.Oc由来で遠縁関係にある。JRは遠隔オセアニア群(ReOc)のNew Caledonia (NCal)-Micronesia(McN)語群に属し、ツングース諸語(Tng.)との同祖語彙は文化的借用語彙に限られ、Tngは明白に西Malayo-Polynesian(W.MP)のフィリピン語群由来である。アイヌ語もNCal-McNに近縁でJRや南米Macro-Ge族とも近縁である。IEはReOcに近く、モンゴル諸語はW.MPのスダ諸語に近い。朝鮮語はW.MPのバリ・ササク語群由来でスラウェシ語群ウマ語にも近縁である。

【OP5-5】 チンパンジーとヒトの目の動きの種差

○狩野文浩、友永雅己（¹・²霊長類研究所、¹日本学術振興会）

霊長類において、視覚的情報はおもに注視部位から取り入れられるために、目の動きは情報取得の戦略上の違いを反映する。ヒトとチンパンジーをアイ・トラッキングシステムを用いて比較したわれわれの先行研究から、自然画像を観察しているときの視線パターンにおいて、両種は注視箇所において酷似するが、目をいつ動かすかと言う点で量的に異なることが示唆された。チンパンジーはヒトに比べて、シーンをより早くスキャンするらしい。本研究では、この種差の特徴を、行動の因果と機能の観点から検討した。結果から、（1）目を動かすタイミングの種差は、走査している画像の内容によらない、一般的な行動的特徴を反映していること、（2）種差は、両種の知覚的相違よりも、注視と運動の競合関係にたいする行動戦略上の違いを反映していること、（3）チンパンジーのシーンの見方は、一定時間により多くの部位を鋭敏な注視点でカバーすると言うベネフィットをもっていることが明らかとなった。これらの結果は、視覚的戦略の系統的な非連続性、また、種固有の戦略のコストベネフィット関係を論証する。

【OP5-6】 変動選択と内在的制約による遺伝子制御ネットワークの進化

○津田真樹、河田雅圭（東北大・院・生命科学）

近年、遺伝子制御ネットワーク（GRN）は、冗長性、スケールフリー出力分布、指数入力分布、頑健性、進化能力などの構造的・遺伝的特徴を持つことが明らかにされた。しかしこれらの特徴は相互に関連しており、さらに様々な要因がGRN進化に同時に影響するため、それらの構造的・遺伝的特徴の進化がどのような要因により促進されたのか明らかではない。本研究では個体ベースのGRN進化モデルを用いて、外部環境からの自然選択と生物に内在する制約要因（突然変異の偏り、遺伝子発現への機能的制約とコスト）がGRN進化に与える影響を解析した。その結果、選択方向の予測不能な変動の下では有益な遺伝子重複の固定により複雑GRNの進化が際立って促進され、さらに、突然変異の偏りや遺伝子発現のコスト・機能的制約も実際の生物に類似したGRN進化のためには重要であることが示唆された。これらの結果は、複雑GRNの特徴は外部からの選択だけではなく、内在的な制約の作用によっても進化したことを示している。さらには分子進化の場合と同様にGRN進化においても自然選択の影響を検出するためには内在的な制約要因も考慮した進化モデルを帰無モデルと用いることが重要であることを示している。

【OP5-7】 表現型可塑性の共進化：誘導攻撃が誘導防御よりまれなわけ

○舞木昭彦¹、岸田治²、巖佐庸³（¹九大・院理、²北大、³九大・院理）

被食者は捕食の危険を察知し行動や形態を変えることで、危機を免れる場合がある。それは誘導防御と呼ばれ、被食者の適応的な表現型可塑性として理解される。誘導防御は多くの分類群に見られ、ときに劇的な形態変化として現れることから進化生態学者を魅了してきた。一方で捕食者も捕食効率を改善するために可塑的に形態を変える事があるが（誘導攻撃）、報告例は多くない。本研究では、誘導攻撃がまれである理由を共進化の帰結として説明する。数理モデルを用いて、可塑性により変化する被食者の防御レベルと捕食者の攻撃レベルの共進化ダイナミクスを計算した。進化の最終状態では、2種ともに可塑性を持つ場合が広い条件で生じるが、捕食者集団内の誘導攻撃タイプの割合は少なく、かつ攻撃レベルは防御レベルに比べて低い。誘導攻撃は稀なわけではなく、いても見つけにくいだけなのかもしれない。

【OP5-8】 パナマの毒ガエルの体色分化を説明する量的遺伝モデル：配偶者選択はランダムドリフトを強化するか？

○巖佐 庸¹、Sam Tazzyman² (¹九大・院理、²UCL, UK)

中米にすむヤドクガエル *Dendrobates pumilio* は毒をもち、捕食者に対して目立つ体色をする。中米全域では1つの体色タイプが占めるが、パナマの Bocas del Toro 諸島では、小さな島ごとに体色の異なる約15の表現型に別れている。雄は子の世話をせず雌による配偶者選択が長時間にわたる。同じ諸島に分布する近縁種の毒ガエル2種は、島でも中米本土と同じ体色をもつ。これらでは雄が子の保護を行い雌による配偶者選択は弱い。島の個体数は小さいために体色に関するランダムドリフトがはたらく。近縁2種と違って *D. pumilio* だけが島ごとに異なる色に分化している理由として、雌による配偶者選択がはたらくとドリフトが強くなるとする説がある。

この説を解析するため、体色 x および雌が好む色 y についての自然淘汰・性淘汰・ドリフトを表す確率差分方程式を導いた。「配偶者選択の遺伝分散が体色のものよりも大きく、配偶者選択の効率が高くそのコストが小さい」状況では性淘汰は体色に関するドリフトを促進する。しかし「配偶者選択の遺伝分散が体色のものよりも小さい」と、性淘汰は体色のドリフトを抑制する。

【OP5-9】 ヴォルバキア感染による性比の偏りが宿主集団の遺伝的多様性に与える影響についての理論的研究

○小林豊 (京大・生態研)

等脚類に感染するヴォルバキアは、感染したオス個体の表現型をメス化し、宿主の性比をメスに偏らせることがある。本研究の目的は、このようなヴォルバキア感染による性比の偏りが宿主の遺伝的多様性に与える影響を集団遺伝学的な解析により予測することである。近年の理論研究により、メス化ヴォルバキアに感染した集団では外部からの遺伝子流入量が増加することが明らかにされている。よって、対立遺伝子の供給頻度が増えるため、多様性の増加が期待される。しかしながら一方で、感染集団では性比がメスに偏るため、遺伝的な有効サイズが小さくなる。そのため、遺伝子の固定が促進され、多様性の減少が期待される。本研究では、この二つの効果が同時に働く現実的な状況をモデル化し、対立する作用がどのような結果をもたらすのかを明らかにする。数理モデルの解析から、中立座位においては、二つの効果はちょうど打ち消しあって、結果として遺伝的な多様性は感染がない場合と全く同じであることが示される。すなわち、感染が宿主の遺伝的多様性に与える影響は、選択座位のみで顕在化することが示唆された。

【OP5-10】 アブラムシの生活史多型を担う幼若ホルモンを介した発生理機構

○石川麻乃¹、小川浩太¹、後藤寛貴¹、三浦徹¹ (¹北大・環境科学院)

アブラムシは生活史の中で胎生単為生殖と卵生有性生殖を切り替える。このような繁殖モードの切り替えは日長条件によって誘導されることが知られており、その候補制御因子として幼若ホルモン (JH) が挙げられてきた。我々はエンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* を用いて長日/短日条件下での産子パターンを解析し、それに基づいた JH 体内濃度測定、JH 投与実験、JH 関連遺伝子の発現解析を行った。その結果、短日条件下では JH の分解を行う JH エステラーゼの発現が上昇し、それによって引き起こされた JH 濃度の低下が有性生殖への切り替えを引き起こすことが示唆された。多くのアブラムシでは生活史に遺伝的な多型が見られ、短日条件下で有性生殖を行わない絶対的単為生殖を示す集団も存在する。エンドウヒゲナガアブラムシでも、絶対的単為生殖を示す集団が複数回独立に生じていると考えられている。このため、これらの集団を用い、異なる生活史を持つ個体群間で、JH を介した繁殖モード切り替え制御機構の比較を行った。これらの結果を踏まえ、生活史の進化を担う分子基盤について考察する。

【OP5-11】 性的対立がもたらす頻度依存選択：少数者利益と型比の進化的動態

○高橋佑磨¹・吉村 仁²・守田 智²・渡辺 守¹ (¹筑波大・生命環境、²静岡大・創造院)

負の頻度依存選択は、種内の遺伝的多型を維持する最も一般的で最も強力な選択圧といわれてきた。すなわち、捕食や同種他個体からの干渉などにより、個体群中での出現頻度の低い少数派の型の適応度が多数派の型よりも高くなることで、個体群中に複数の表現型が維持されると考えられている。しかし、このような多型の維持機構に関する実証研究は充分に行なわれてこなかった。遺伝的な色彩2型が出現するアオモンイトンボの雄の配偶行動を観察したところ、多数派の型の雌は選択的に交尾を求められ、採餌活動や産卵活動が妨害されていた。多数派の型は、少数派の型よりも常に産下卵数が少なかった。これを基礎として、適応度の負の頻度依存性を仮定した数理モデルを構築したところ、型比は1:1の平衡頻度を中心とする2世代周期の変動を示した。野外において10世代にわたった2型比の変動は、モデルによる予測と一致する2世代周期であった。これらの結果は、本種の雌に出現する2型に対して負の頻度依存選択の働いていることを示している。

【OP5-12】 生態適応に伴う植物間相互作用の変化

鈴木亮¹、鈴木智之² (¹筑波大・菅平セ、²北大・苫小牧)

生物は環境の異なる場所に分布していると、やがてそれぞれの環境に適応し集団間で形態などの表現形質に変異が生じうる。こうした生態適応は、対象の種に形質変異が生じるだけでなく、それに伴って種間相互作用の在り方も変化する可能性がある。本研究は、草食動物からの採食歴の長い環境に植物が形態適応することによって、植物種間の相互作用が変化する可能性を検証した。

被食環境では、刺毛や毒をもつ防御植物は、防御形質をもたない植物に対し間接的な保護作用を示すことが知られる。しかし、シカが長年生育する奈良公園では、防御形質をもたないイヌタデが形態適応（矮小化）して被食を受けにくくなっている。そこで、被食を受けやすい標準型イヌタデと受けにくい矮小型イヌタデを、奈良公園に自生する防御植物（イラクサ）の下と外に移植する実験を行った。結果、イラクサの保護作用は標準型イヌタデに対してのみ働き、矮小型イヌタデには競争作用が強く働いた。このことは、イヌタデの形態適応に伴って、イラクサからの作用は保護から競争へ変化した可能性を示唆する。

一般ポスター発表

一般ポスター発表: P1

- 【P1-1】 首都圏に分布する日本産ヒキガエル (*Bufo japonicus*) 個体群の、高すぎる遺伝的多様性とその影響
○長谷和子¹、二河成男²、嶋田正和¹ (1東大院・広域システム、²放大・教養)

本研究では東京圏内に分布する日本産ヒキガエル (*Bufo japonicus*) の9つの局所個体群を対象に、個体群内の遺伝的多様性とその維持機構について解明することを目的として、その遺伝的多様性について2種の分子マーカー (mtDNAのcytb領域及び核マイクロサテライト7座位) を用い遺伝子型を解析した。mtDNAの分子系統解析結果から、都内5つの個体群内に西日本亜種の母系をもつ個体が多数混在していることが判明した。核マイクロサテライトの解析結果からは、東京圏の個体群では遺伝的多様性が高いことが示唆された。さらに、2つの結果から、移入された西日本亜種との間で交雑が起こっていることも明らかになった。また、2亜種混成域では、3倍体などの倍数体が存在する可能性が高いこともわかった。そして、これらの幼生の生存率を調べるため、受精卵から幼生の前肢出現まで実験条件下で飼育したところ、交雑系統とみられる集団由来の受精卵は、孵化率自体は低いものの、孵化後は高い生存率を示した。

- 【P1-2】 外来種クサガメによる日本在来種ニホンイシガメへの遺伝子汚染
○鈴木大¹・矢部隆²・疋田努¹ (1京大・院理、²愛知学泉大・コミュニティ)

近年、外来生物による在来生物相への影響が世界的に大きな問題となっている。特に、遺伝的に近縁な外来種と在来種間における交雑によって引き起こされる遺伝子汚染は大変深刻である。日本本土に広く、一部同所的に分布する淡水棲カメ類のニホンイシガメ (*Mauremys japonica*) とクサガメ (*Chinemys reevesii*) は飼育下において異種間交雑することが知られているが、近年、野外からもこの交雑個体と思われるものが数多く報告されている。前者は日本固有種であるのに対し、後者は朝鮮や中国からの外来種であることが明らかとなった (鈴木ら 未発表)。本研究では、野外から捕獲され、外部形態より交雑が疑われる個体の遺伝子組成について調べた。その結果、ニホンイシガメとクサガメ二種間の交雑が確認され、さらには交雑個体が繁殖に参加していることが証明された。以上より、日本在来種のニホンイシガメは外来種のクサガメによって遺伝子汚染を受けていることが明らかとなった。

- 【P1-3】 鱗食カラシンの左右性：顎形態の左右非対称性と対応する捕食行動の利き
○畑 啓生¹、八杉公基²、堀 道雄² (1愛大・院理工、²京大・院理)

鱗食シクリッドでは、頭蓋骨と下顎との関節位置が全ての個体において左右非対称で、それゆえ口が右に向かって開く左利き個体と左に向かって開く右利き個体からなることが知られる。Perissodus microlepisは、餌となる魚を後方から襲い、左利きの個体は餌魚の左体側から、右利きの個体は右体側から鱗を剥ぎ取る。鱗食性はカラシン目カラシン科魚類でも知られる。ここでは、アマゾン川流域に生息する鱗食カラシン *Exodon paradoxus* を用い、顎形態の左右非対称性を計測し、餌魚として金魚を与え、襲う体側における左右での偏りと、その顎形態の利きとの対応を調べた。

結果、エクソドンにおいても顎形態に左右非対称性があり、全ての計測個体が、右利きか左利きに分けられた。エクソドンでは右利きの個体は金魚の左体側を、左利きの個体は右体側を襲うことが有意に多かった。また、どちらの個体も金魚の体側に突進し、衝突と同時に顎を金魚の尾方向に振って鱗を剥ぎ取り、散った鱗を拾って摂食していた。カラシン科とシクリッド科の鱗食魚はいずれも強い顎形態の左右非対称性を用いるが、形態と行動の利きの対応が逆転する異なった鱗食様式を進化させていることが分かった。

【P1-4】 東アフリカ三大湖産シクリッドにおける分子進化速度についての研究

○白井 一正¹、猪股 伸幸²、相原 光人³、溝入 真治³、寺井 洋平³、岡田 典弘³、舘田 英典² (1九大・システム生命、²九大・院理、³東工大・院生命理工)

アフリカ大陸東部の三大湖、ヴィクトリア湖、マラウィ湖、タンガニイカ湖にはそれぞれの湖に固有のカワスズメ科魚類(シクリッド)が多数種生息している。その中でもヴィクトリア湖だけが水深が浅く、約1万5千年前には大規模な水位の低下があったことが報告されている。これによりヴィクトリア湖のシクリッドで集団サイズが減少したと考えられる。集団サイズの減少は遺伝的浮動の効果を強め弱有害突然変異の集団中での置換を起こすので、ヴィクトリア湖のシクリッドで進化速度が他の湖のシクリッドに比べ高くなっていることが予想された。これを検証するために三大湖のシクリッド9種を用い、核の6遺伝子座とミトコンドリアの13遺伝子座のタンパク質コード領域において最尤推定法による進化速度の解析を行った。その結果、核DNAでは種間の著しい違いは見られなかったが、ミトコンドリアDNAの5遺伝子座においてヴィクトリア湖の種のアミノ酸置換速度が他の湖の種より有意に高いことがわかった。このヴィクトリア湖の種のミトコンドリアDNAの高いアミノ酸置換速度は、集団サイズの減少により弱有害突然変異が固定した結果であると考えられる。

【P1-5】 生息環境での光の受容効率からみたシクリッドのオプシンの適応と種分化

○寺井洋平¹、宮城竜太郎¹、溝入真治¹、相原光人¹、Semvua I. Mzighani¹、沖津貴志²、和田昭盛²、菅原亨³、今井啓雄³、岡田典弘¹ (1東工大・院・生命理工、²神戸薬科・生命有機、³京大・霊長研)

近年、我々はヴィクトリア湖産カワスズメ科魚類を用いて視覚の適応とそれに伴う婚姻色の進化が種の分化を引き起こすことを報告してきた。本研究では水面付近から最深底に生息する多くの種を解析に用い、視覚の適応による種の分化の機構を明らかにすることを試みた。始めにヴィクトリア湖の様々な透明度、水深で測定した光スペクトルの解析を行った。測定が困難な水深30m以深の環境については光の減衰率より推定したスペクトルを用いた。その結果、透明度により光の減衰率が異なり光環境が多様であること、特に水深30m以深では極めて限られた波長の光のみが存在することが明らかになった。次にそれぞれの光環境に生息する種の視物質(A1, A2レチナールを用い構築)の吸収からその生息光環境での光の受容効率の解析を行った。その結果深さや水深により分化したオプシンは生息光環境で光の受容の効率が優れており、適応的であることが明らかになった。またそれぞれの種の婚姻色は適応したオプシンに感受性が高い光を反射することが推定された。これらの結果から光環境の変化により、視覚の適応とそれに伴う婚姻色の進化が種分化を引き起こしてきたことが示唆された。

【P1-6】 同所的に多様化した光受容体と婚姻色が誘導するヴィクトリア湖シクリッドの種多様性

○宮城竜太郎¹、寺井洋平¹、相原光人¹、溝入真治¹、菅原亨²、今井啓雄²、舘田英典³、沖津貴志⁴、和田昭盛⁴、岡田典弘¹ (1東工大・院生命、²京大・霊長研、³九大・院理、⁴神戸薬科大・院・生命有機化学)

ヴィクトリア湖に生息する500種に及ぶシクリッドは、短期間に少数の種から種分化を繰り返すことで現在の種多様性を獲得してきたと考えられている。近年シクリッドの異なる光環境への視覚適応とそれに伴う婚姻色の進化が生殖的隔離を誘導し、種分化を引き起こす事が明らかにされた。シクリッドの種多様性獲得には多くの種が同所的に生息できる機構が必要だが、視覚を介した生殖的隔離は同所的な種多様性も引き起こしてきた可能性が考えられる。そこで本研究では同所的に生息するシクリッドにおける視覚の役割を明らかにすることを目的として、光受容体オプシン遺伝子と婚姻色の網羅的な解析を行った。同所的に生息するシクリッドでは光受容体オプシン、LWS遺伝子に種間分化が見られ、種毎に異なる光感受性を持つアリル型が選択的に保持されていた。また光感受性と婚姻色の間には相関が見られ、種毎に感受性の高い波長の光を婚姻色として利用していることも明らかになった。これらの結果は、視覚を介した生殖的隔離が同所的に生息するシクリッド種間でも働いてきたことを示唆しており、ヴィクトリア湖シクリッドの種多様性が視覚と婚姻色の多様化により獲得されてきた事が推測される。

【P1-7】 グッピーLWSオプシン遺伝子にかかる選択圧の検出

○手塚あゆみ¹、笠木聡²、河村正二²、Cock van Oosterhout³、松島野枝¹、河田雅圭¹（¹東北大・院・生命科学、²東大・院・新領域、³University of Hull、）
色覚は餌探索や捕食回避、配偶者選択に関与し、適応度に影響を与える。本研究の対象であるグッピーは、集団間・集団内に色覚（赤～緑の長波長感受性）に個体差があり、色覚の多様性が存在している。この個体差を生み出す遺伝的要因や、色覚の多様性を維持する選択圧は何かについては十分に明らかになっていない。色覚の多様化の候補遺伝子としてLWS（長波長感受性）オプシン遺伝子がある。光感受性はオプシンの配列変異によって変わるため、LWSオプシン遺伝子はグッピーの色覚個体差を生み出している可能性があり、実際にグッピーLWSオプシン遺伝子には多型が存在している。本研究では、LWSオプシン遺伝子と他の遺伝子領域の配列情報を用いて、LWSオプシン遺伝子にかかる自然選択を検出し、色覚の多様性を維持する選択圧を統計的に証明することを目的とする。他の複数の遺伝子領域から予測される値から、LWSオプシン遺伝子の値が逸脱している場合、オプシン遺伝子は選択をうけていることが示唆される。また、LWSオプシン遺伝子座上の色覚の進化に重要なサイトの検出にも繋がり、LWSオプシン遺伝子多型と色覚個体差の関係性にも重要な情報を提供する。

【P1-8】 バイカルカジカ類のProcottus属における視覚関連遺伝子の適応と分化

○横山良太¹、V. G. Sideleva²、宗原弘幸¹、高橋洋³、木下泉⁴、後藤晃¹（¹北大・FSC、²ロシア科学アカデミー、³水大校・生物生産、⁴高知大・海洋生物）
バイカル湖の沿岸浅所から最深部(約1600m)まで生息し、適応放散しているバイカルカジカ類では、生息水深帯が異なる属間や種間で視物質の適応的な分化がみられることが知られている。この視物質の適応は、様々な水深帯に生息する近縁種間でもみられる可能性がある。そこで、互いに近縁であると考えられ、種によって生息水深が異なっているProcottus属4種、P. gotoi (生息水深3-150m)、P. gurwici (5-250m)、P. jeittelesii (15-200m)およびP. major (50-900m)を対象に、桿体オプシン遺伝子の分子進化パターンを解析した。中立遺伝子の系統樹では、ハプロタイプは種ごとに単系統にならない場合もあり、この4種が極めて近縁であると考えられた。一方、桿体オプシン遺伝子では、種ごとに特徴的な非同義置換が見られ、その中には視物質の吸収波長を変異させると考えられる部位のアミノ酸置換も含まれていた。このことから、近縁なProcottus属内の種間においても、桿体の視物質は生息水深の光環境に合わせて適応し種ごとに分化していることが強く示唆された。

【P1-9】 パラオ諸島海水湖に生息するヤクシマイワシ属魚類におけるMHC遺伝子の多型解析

○後藤亮¹、半澤直人¹（山形大・院理工）

パラオ諸島は日本の南約3,000キロに位置する海洋島で、そこには外海から様々な程度で隔離された海水湖が約70存在する。閉鎖性の強い海水湖に生息する生物は、海水湖形成時に閉じ込められた個体の子孫と考えられており、海洋生物の異所的種分化過程を研究するのに非常に優れたフィールドである。これまでに、海水湖と外海に生息するヤクシマイワシ属魚類においてミトコンドリアDNA調節領域とcytochrome b遺伝子を用いた研究が行われ、各海水湖が固有の進化過程を経ていることが明らかになってきている。しかし、海水湖環境への適応進化は明らかにされていない。そこで本研究では、海水湖と外海間で、外来性抗原となる細菌の種類に違いがあると考え、それに対応する免疫遺伝子である主要組織適合遺伝子複合体(MHC)のClass IIβ 遺伝子のエキソン2領域に着目し、その多型解析を行った。その結果、他の真骨魚類で報告されているように、複数の遺伝子座に支配される対立遺伝子が存在すること、対立遺伝子間で遺伝子変換が生じていること、および海水湖と外海集団間で対立遺伝子頻度が大きく異なることが示唆された。

【P1-10】 ジーンフローが局所適応を抑制する：河川性サケ科魚類による実証研究

小泉逸郎（北大・創成）

異なる環境への適応は多様性を生み出す原動力である。現在では、各個体群が生息地に応じた生活史をとることは周知の事実であり、自然選択による局所適応や種分化の可能性についても多くの種で実証されてきている。その一方で、野外で局所適応が見られないことも多く、適応分化の視点だけでは現実を説明しきれない現状もある。このひとつの要因として、他個体群からのジーンフローが適応分化を抑制している、という仮説が注目されている。幾つかの実証研究でこの仮説が支持されているものの、それらの研究は少数の個体群を扱ったものであり一般性については更なる検討が必要である。また、小個体群においてはジーンフローが局所適応を促進するという理論もあり、野外個体群においてジーンフローが適応分化に及ぼす影響については未解明といえる。本研究では、異なる環境に生息するサケ科魚類、30個体群を用いてジーンフローが適応分化を抑制することを示す。多数の個体群からの野外データに加え、共通環境下飼育実験、マイクロサテライトDNA解析により、本仮説を明瞭に実証する。また、ジーンフローによる不適応が個体群動態に影響を与える可能性についても議論する。

【P1-11】 属間交雑か？極端な平行進化か？

○森井悠太¹、横山潤²、河田雅圭¹、千葉聡¹（¹東北大・院生命科学、²山形大・理）

北海道に生息する陸生巻貝であるヒメマイマイとエゾマイマイは、別属として記載されるほど大きく異なる形態形質を備えている。ところが、2種の地域個体群間の系統関係をミトコンドリアと核DNAの部分塩基配列に基づいて推定したところ、この2種は遺伝的に互いに最も近縁な関係にあることが明らかになった。そればかりか、2種は種ごとにまとまった系統関係を示さず、複雑に入り組んだ関係にあるという興味深い関係が示唆された。各系統は地理的な位置関係を反映していることから、用いた遺伝形質が単に祖先多型を反映しているだけとは考えにくい。よって、この結果を説明する仮説には「浸透交雑」と「平行進化」の2つが残される。「浸透交雑」によるものだとすると、同所的に採集された2種が異なる遺伝形質を保持していることや2種間の形態形質に大幅なギャップがあることに疑問が残る。よって、これまでの結果はヒメマイマイ型とエゾマイマイ型の形態形質が独立に複数回出現した「平行進化」によるものだと考えるのが最も妥当である。この結果により、2種が特殊な進化過程を経て種分化した可能性が示唆された。

【P1-12】 とあるメダカの繁殖戦略～せっかくだから、おれはこの白の糸を選ばせ

○小林和也（北大・院農）

ニホンメダカ *Oryzias latipes* は日本では観賞魚として古くから親しまれ、さまざまな品種および近交系が作出されており、また、ゲノム解読が終了していることから、今後行動や生態の進化の観点からも様々な研究がなされることが予測される。今回はこのメダカが周囲の色に応じて自らの体色の濃さを変化させることから色を認識しているものと仮定し、特定の色彩に対して適応的な行動をとるという仮説を立てた。メダカには通常の黒色のもののほかに体表色素が失われた緋、青、白と呼ばれる品種が存在する。そこで色に着目し、周囲の色や自分の体色、交尾相手の体色にあわせて、メダカの雌が卵をうみつける場所を変えるかどうかを調べる。

この結果から周囲の状況および交尾相手の体色を認識しているのかどうかを確認し、個体の行動（ここでは産卵場所選択）がどの程度可塑性をもったものなのかを議論したい。

【P1-13】 Testing predictions of the neutral theory of biodiversity with haplotype data

○藤澤知親¹, Andres Baselga², Alfried Vogler¹ (¹Division of Biology, Imperial College London, ²Faculty of Biology, University of Santiago de Compostela)

Genetic diversity and species diversity within communities have long been studied in separate fields of biology, although the correlation between these two levels of biodiversity has been recognised. The unified neutral theory of biodiversity (UNTB) has been developed to provide mechanistic models to make testable predictions on the diversity patterns. One of its predictions is the fractal nature of biodiversity, the self-similarity of abundance and distribution across different hierarchical levels of organisms. Individual based dispersal and ecological drift, the core process of the UNTB, that leads to the fractal patterns of diversity, is a possible explanation of the genetic and species diversity correlation. We analysed the beta diversity patterns of species and genotype compositions of diving beetle (Coleoptera: Hydradephaga) communities extensively sampled across Europe, assuming that both patterns are controlled by a unified process of individual-based dispersal. We also fitted the parameters of the UNTB models, including the rank-abundance distribution, with species as well as genotype data. The results showed that the beta diversity of genotypes, species and intermediate levels followed the same pattern, supporting the notion that the diversity patterns at different levels are controlled by the same process. The estimated parameters on the species and genotype levels appear to imply a connection between the rate of speciation and mutation.

【P1-14】 シロアリにおけるゲラニルゲラニルニリン酸合成酵素のジテルペン合成への機能進化

○北條優¹、前川清人²、徳田岳¹ (¹琉球大・熱生研、²富山大・院理・生物)

真社会性昆虫であるシロアリには、防衛活動のみに特殊化した兵隊カーストが存在する。兵隊の防衛方法は、頭部や大顎を用いる単純な方法から、外分泌器官である額腺で合成された化学物質を用いる方法が進化してきたと考えられている。特にシロアリで最も派生的なテングシロアリ類では、兵隊の頭部前方にnasusと呼ばれる突起構造が発達し、額腺で合成されたジテルペンをnasusから噴射するという特徴的な防衛行動を示す。ジテルペンの合成には、ゲラニルゲラニルニリン酸合成酵素 (GGPPS) が関与する事が知られている。一般的に動物のGGPPSはタンパク質の翻訳後修飾に関わっており、ジテルペンを合成しないシロアリの兵隊や職蟻でもGGPPSは発現していると考えられる。本研究では、シロアリにおけるGGPPSのジテルペン合成への機能進化を考察するために、様々な系統のシロアリのGGPPS遺伝子を解析したところ、ジテルペンを合成する派生的なシロアリでは、遺伝子重複している事が明らかになった。カースト間の発現比較の結果も踏まえ、GGPPSの機能進化と防衛行動の進化について考察する。

【P1-15】 アカシヨウジョウバエにおける低温適応の遺伝機構

○磯部琴葉、田村浩一郎 (首都大・院理工)

アカシヨウジョウバエ (*Drosophila albomicans*) は元来東南アジアを中心とする熱帯域に分布する種であるが、1980年代後半から温帯域である西日本でもその生息が確認されるようになった。本種の温帯域への分布拡大には低温耐性の向上が伴ったと考えられる。そこで、東南アジア、南西諸島、西日本から採集された系統について、1°Cの低温下における平均生存時間を測定し、その低温耐性を検証した。その結果、平均すると、南西諸島、西日本の系統は東南アジアの系統より低温耐性が高いこと、この低温耐性は、成虫において飼育温度より5°C低い温度を数日経験する順化によって向上することがわかった。さらに、順化によって低温耐性が著しく向上した系統を用い、順化の前後で発現量に変化する遺伝子の発見を試みた。Differential Display法を用い、順化处理を行った個体と行わなかった個体の間で発現量が異なる遺伝子を網羅的に探索したところ、電子伝達系に関わる複数の遺伝子を検出した。このことからアカシヨウジョウバエの低温耐性の向上には、呼吸などの代謝活性の向上が関係している可能性が示唆された。

【P1-16】 標高勾配に沿った樹木個体群の局所適応 ～いつ、どこで生じるか？～

○石塚航¹、後藤晋¹（東大・農学生命）

我が国のような山岳地域では標高に沿って環境が著しく変化するため、地域的に狭い同一斜面の中でも、局所適応、すなわち、わずかな標高差に適応して集団間の遺伝的分化が起こることがいくつかの草本種で知られている。しかし、そのような地域内の標高勾配に沿った局所適応は、長命で遺伝的な分化度の低い木本種においては実証例が少なく、どの生活史段階、または標高域において認められるのかは明らかではない。そこで本研究では、1974年に東京大学北海道演習林の大麓山(1459m)南西斜面の6標高域(230~1100m)に設定したトドマツ標高間相互移植試験を対象とし、トドマツの局所適応を検証した。解析は、種子産地標高が異なるトドマツ個体群(230~1250m)の5~36年までの樹高・生存データを用い、種子産地標高、産地と植栽地の標高差を固定効果とする一般化線形混合モデルを使って、年齢別、植栽地別に検証した。その結果、全測定年、全植栽地において、標高差が小さいほど樹高や生存のパフォーマンスが良い傾向が見出され、局所適応は初期段階から長期間にわたって認められ、年齢に伴って強まっていたこと、低標高域から高標高域までどの植栽標高においても発揮されていたことが示された。

【P1-17】 溪流沿い植物の葉形態の機能と進化

○野村尚史（科博・植物園）

この発表では、キク科のツワブキの生態型を材料に、葉形態が環境適応として進化・維持されてきたことを、分子系統学・形態学・生理生態学・個体群生態学の諸分野横断的に示す。琉球南部のツワブキには、溪流型（細葉）・陽地海岸型（小型丸葉）・林床型（大型丸葉）という、葉の形態の異なる生態型が認識される。分子系統解析によると、これらの生態型が比較的近年に分化し、現在でも頻繁な遺伝子交流を行っているかと推定されたことから、生態型間の形態変異は、環境による選択圧を常に受けることで維持されていると考えられる。次に、野外調査と共通圃場試験で比較を行ったところ、各生態型の表現型が持つ可塑性（馴化能力）には幅があり、それぞれの生育環境で最適な生理特性を示すことが分かった。そこで、微環境が連続的に変化する立地し、異なる表現型の共存する集団を用いて、環境経度上の遺伝構造と表現型の分布を個体群動態に沿って解析したところ、環境による選択圧によって集団内変異が維持されていると考えられた。これらの結果から、細葉・陽葉・陰葉という葉形態の種内変異が、溪流・海岸・林床という環境への適応選択の帰結であると解釈された。

【P1-18】 生活史の異なる植物種間における非対称な交雑

○柿嶋聡、東馬哲雄、邑田仁（東大・院理）

近縁な植物種間における生活史の違いはそれぞれの種の生育環境への適応などにより生じる。一方で、しばしば生活史の異なる近縁な種が同所的に生育することから、生活史の違いが種間の生殖隔離に重要な役割を果たしていることが予測される。そこで、生活史の違いと生殖隔離の関係を明らかとするため、周期的に一斉開花し枯死する一斉開花一回繁殖型の種や集団が知られているキツネノマゴ科イセハナビ属（*Strobilanthes*）に着目した。コダチスズムシソウ（*S. glandulifera*）は一斉開花一回繁殖型植物であり、多回繁殖型植物であるオキナワスズムシソウ（*S. tashiroi*）と沖縄本島で同所的に生育し、中間的な形態の推定雑種が存在する。遺伝的な解析を行なったところ、ほとんどの推定雑種はコダチを花粉親、オキナワを胚珠親とする交雑により生じた雑種であることが明らかとなった。非対称な生殖隔離が生じる要因として、一斉開花と同時に多数の花が開花するコダチから、同時に少数の花しか開花しないオキナワに花粉が運ばれていることが考えられ、生活史の違いが種間の生殖隔離に影響を与えていることが示唆された。

【P1-19】 雑種集団環境に適応的な種への置き換わり～林床性エイザンスミレと草原性ヒゴスミレにおいて

○遠山弘法¹、矢原徹一²（九大・理）

雑種集団は、種の境界を決定づける環境と遺伝子間の相互作用を研究するための理想的な材料だと考えられている。本研究では、光環境で分化したと予測されるエイザンスミレとヒゴスミレの雑種集団を用いて、林床の雑種集団がどのような遺伝子型、及び表現型で構成されているのかという疑問に取り組んだ。形質測定は、光環境の適応に重要だと考えられる葉形質について測定した。雑種の遺伝解析はmtDNA(atpl-atpH)、AFLPを用いて行った。結果、草原性のヒゴスミレを母系に持つ雑種個体のゲノムは、暗がりに生育するエイザンスミレにほとんど置き換わっていた。また、Hybrid indexと形質には正の相関がみられた。これらの結果は、林床環境に適応的な遺伝子が、雑種形成後、集団中に固定されてきたことを示唆する。また、光環境の適応に重要だと考えられる葉形質は、両種を識別するのに重要な形質である事が示唆された。

【P1-20】 ゲノム排除による生殖隔離：アイナメ属の半クローン生殖

○木村幹子¹、阿部周一²、荒井克俊²、河田雅圭¹、宗原弘幸³（¹東北大・院・生命科学、²北大・院・水産、³北大・FSC）

北海道南部には亜寒帯性種のスジアイナメと温帯性種のクジメやアイナメの分布が接して形成された交雑帯があり、ここではスジアイナメを母親、クジメやアイナメを父親とする一方向性の交雑が生じている。雑種は全てメスで繁殖力を有し、父方の親種と頻繁に戻し交配しているにも関わらず、交雑帯ではF1雑種しか出現せず、種間の遺伝子浸透は全く生じていなかった。雑種と親種との人為的な戻し交配により得られた仔魚の遺伝子型、核型および倍数性を調べた結果、父親種との交配による個体は母親と同じF1雑種型の2倍性ヘテロ接合体となったが、母親種のスジアイナメとの交配による個体は、純粋なスジアイナメと同様のゲノム組成を示した。このことから、F1雑種が卵形成時に父方ゲノムを排除して母方ゲノムのみを半数体の卵をつくり、そして半数体精子と受精して再び2倍体の仔魚が生まれることが明らかになった。母方ゲノムはクローンとして次世代に伝わるが父方ゲノムは世代ごとに入れ替わることから、この生殖様式は半クローン生殖と呼ばれている。アイナメ属では、半クローン生殖によって3種間の遺伝子浸透が妨げられ、交雑帯が維持されていると考えられる。

【P1-21】 地理的単為生殖昆虫オオシロカゲロウにおける雌性個体群の分布・拡大

○関根一希¹、東城幸治²（¹信州大・院・総合工、²信州大・理・生物）

「地理的単為生殖」は、長い間課題とされてきた性の存在意義を考える上でも重要視され、研究されてきた。一般には、高緯度、高標高、乾燥域などにおいて、あるいは、島嶼や島嶼的環境、種の分布域の周縁部において単為生殖個体群が生じる傾向が強いとされる。しかしながら、本邦に認められるオオシロカゲロウ *Ephoron shigae* (カゲロウ目 Ephemeroptera) の地理的単為生殖は、両性生殖個体群と単為生殖個体群とが何らかの傾向もなくモザイク的に分布する大変ユニークな例である。これまでのミトコンドリアDNA (16S rRNA、COI領域) に基づくハプロタイプ解析により、日本各地に分布する本種の雌性個体群は単一起源、かつ西日本起源であろうことが明らかとなってきた。したがって、東日本における両性個体群は、西日本より移動・分散してきた単為生殖オオシロカゲロウに侵略され、雌性個体群へと移行したと考えられる。今回、1990年代初めの性比調査において両性個体群と考えられていた阿武隈川個体群 (福島県福島市) が、2009年の性比調査においてはメスばかりの雌性個体群であることが明らかにされ、わずか20年弱といった短い期間での雌性個体群への移行が明らかとなったので紹介する。

【P1-22】 無融合生殖種ニガナと有性生殖種イソニガナは交雑しているのか？~ニガナの遺伝的多様性・番外編その
言~

○中川さやか、伊藤元己（東大・院・総合文化・広域）

無融合生殖とは無性生殖の一つであり、無融合生殖種では原理上、遺伝的に均一な集団の形成が期待されるが、実際には遺伝的多様性があることが様々な分類群で知られている。ニガナ *Ixeridium dentatum* ssp. *dentatum* (キク科) は3倍体の無融合生殖種であるにもかかわらず、SSR解析の結果、454個体において、計96遺伝子型が確認された。さらに、各個体の遺伝的関係を解析した結果、新潟県柏崎のニガナ集団は、近隣に分布する2倍体有性型亜種イソニガナ *I. dentatum* ssp. *nipponicum* と遺伝的に近いことが示され、ニガナとイソニガナの交雑の可能性が示唆された (中川・伊藤, 2009進化学会)。イソニガナは、海岸の岩場に生育することや、葉が円形~広円形で茎を抱くこと、一頭花あたりの小花数などから、形態的、生態的にニガナと区別できる。しかしながら、イソニガナの分布する海岸近辺では、ニガナとイソニガナが同所的に生育する集団や、形態がイソニガナとニガナの間接型の個体が観察できる。そこで、これらの個体が、ニガナとイソニガナの交雑を示すものであるかを明らかにする為に、倍数性測定とSSR解析を行った。本発表では、ニガナとイソニガナの交雑の有無、さらに、無融合生殖種の遺伝的多様性への寄与について考察する。

【P1-23】 無配生殖をするヤブソテツの配偶体/次世代胞子体における倍数性について

○大槻涼、村上哲明（首都大・牧野標本館）

無配生殖をするシダ植物においては、その多くが三倍体であることが知られている。特に、オシダ科ヤブソテツ属においてはその6割以上の種が三倍体無配生殖型であるとされている。さらに、国内産のヤブソテツ属の種には三倍体で無配生殖を行うものしか知られていない（Takamiya 1996, 岩槻1992）。

これまでの発表者らの研究によって、ヤブソテツ類の中には単純にクローン繁殖しているとは考えにくいほど多くのクローン多型が見られる種が存在することが明らかになっている。また、これらのクローン多型の中には、同祖染色体の対合による分離によって説明がつくものがあることも明らかになった。しかし、これまでの研究では、世代によって倍数性が変化する可能性を充分には検討してこなかった。そこで、実際に三倍体の胞子体から胞子を採取し、その親株と配偶体/次世代胞子体との間で倍数性の比較を行った。倍数性の推定はフローサイトメトリー法による核当たりのDNA量の定量によった。その結果、配偶体79個体のうち、親株と同じ三倍体は10個体（12%）のみであり、残りは二倍体が1個体、四倍体が68個体（86%）であった。同様に次世代胞子体133個体では、二倍体12個体、三倍体が41個体（30%）、四倍体が80個体（59%）であった。

【P1-24】 平等主義的社会における社会交渉：ライオンの親和的行動の機能

○的場知之¹、沓掛展之^{2,3}、長谷川寿一¹（¹東大・総合文化、²総研大・葉山、³JSTさきがけ）

社会性動物の群れにおいて、しばしば種に特有の非攻撃的な社会行動や儀式化された社会的信号によって特徴づけられる非均一な個体間関係がみられる。しかし、多くの動物種においてこのような社会行動・社会的信号の適応的機能は明らかにされていない。本研究は、ライオンにおいて特徴的な親和的行動のひとつであるヘッドラビング行動の機能に関し、複数の仮説を検討した。ライオンは野生下で恒常的な母系集団を形成し、共同狩猟・共同繁殖・なわばり防衛という協力行動を示す。

飼育下のライオン21頭（オス7頭、メス14頭）を対象に、約100時間の全事象記録法による行動観察を行い、514回のヘッドラビングを記録した。オスはメスよりも他のオスにより多くヘッドラビングを行う一方、メスは他のメスよりもオスに対してより多く行っていた。ヘッドラビングは互恵的に行われ、ペア間における頻度は血縁度・近接指数と正の相関、個体間の年齢差と負の相関を示した。攻撃や集団の再会に伴う緊張状態、メスの発情は、ヘッドラビングの頻度と無関係であった。この結果は、ヘッドラビングの主な機能が（特にオスの）個体間の友好関係の維持・強化であることを示唆する。

【P1-25】 ミュラー型擬態を寄生的にする2つの要因

○本間淳¹、Johanna Mappes²、沓掛展之¹（¹総研大・先導科学、² University of Jyväskylä）

従来、ミュラー型では味の悪いミミックは、モデルに対して相利的であると考えられてきた。しかし近年、たとえミミックの味が悪くても、モデルとある程度の差がある場合には、寄生的な関係が生じる（疑ベイツquasi-Batesian）と予測する理論も提出され、新たな論争を引き起こしている。発表者らは、シミュレーションモデルを用いた以前の研究において、a)代替餌の存在を無視、b)「捕食圧一定」を暗黙の内に仮定、の2つが、ミミックがモデルの被食リスクを増大させる効果を過大評価する原因となっており、これらを取り除くと、ミュラー型擬態は常に相利的であり疑ベイツは生じないとの予測を得た。

今回発表者は、ヒヨコをモデル捕食者として用いてこの2つの予測の検証を行った。被食者は人工餌を処理することにより作成した。代替餌の影響に関する実験では、代替餌が十分にある処理とかなり少ない処理を作った。「捕食圧一定」処理の影響に関する実験では、ミミックを増やした分だけモデルを減らす（捕食圧一定）処理と、モデルの数は減らさずにミミックを同数加える処理を作った。その結果、「捕食圧一定」実験において、発表者らのモデルの予測が支持された。

【P1-26】 食性分化と認知：シジュウカラ、ヤマガラ、ハシブトガラのリスク感受性比較

○川森愛¹、松島俊也² (¹北大・院生命、²北大・院理学)

シジュウカラ科の鳥は近縁種同士が食性を違えて同所的に生息し、冬季には混群を形成する。採餌技能の似通った近縁種が同所的に生息する場合、食性を分化させるか、あるいはすでに食性の異なった種同士で集まる方が互いに有利である。ヤマガラとハシブトガラは種子食性が強いのにに対し、シジュウカラは昆虫食性が強い。種子は遭遇する確率が高い低リスクの餌であり、昆虫は確率が低い高リスクの餌である。本研究ではこれらの種を野外より捕獲し、確率推定能力を調べた。確実に得られる1個の餌と日毎に異なる確率($p=1/3$ または $2/3$)で得られる3個の餌の間の2者択一選択を行なわせた。結果、確率が推移しても選択はほとんど変わらず、確率の知覚に種間差はなかった。次に、確実に得られる1個の餌と、確率 $p=1/3$ で得られる3個の餌の2者択一選択を行なわせた。どちらも収量の期待値は等しいが、後者にはリスクが伴う。結果、シジュウカラではリスク志向、ヤマガラではリスク回避の傾向がみられた。ハシブトガラは特定のリスク感受性を示さなかった。これらの結果は異なるリスク感受性の進化が同所性近縁種の食性分化を促した可能性を示唆する。

【P1-27】 オオカマキリの性的共食いの進化的要因を探る

○渡辺衛介¹、三浦一芸^{1,2} (¹広島大・院・生物圏、²近中四農研)

カマキリ類やクモ類では、交尾のときに雌が雄を食べる性的共食いがしばしば見られる(reviewed in Elgar, 1992)。近年クモ類では、雌は繁殖能力を高めるために雄を食べ、雄は生涯に1回しか交尾できないため食われてでも交尾し次世代を残すことが明らかになった(Elgar and Nash, 1988; Sasaki and Iwahashi, 1995)。一方、カマキリ類では、雄が複数回交尾することが可能であるため雄の利益はクモ類とは異なる(Bartley et al., 1982)が、これについては知られていない。また、カマキリ類の雌が雄を食べる要因として、雌の空腹状態以外は知られていない(Maxwell, 1999)。われわれの最近の交尾実験で、未交尾のオオカマキリの雌雄を用いた場合雌は雄を共食いしないが、既交尾の雌雄の場合雌は高い頻度で雄を共食いすることを明らかになった。この結果は、共食いが起こる要因として雌雄の交尾経験が重要であることを示唆している。そこで本研究では、まず雌雄どちらの交尾経験が共食いに関与しているのかについて明らかにする。また、交尾経験以外に共食いに関与すると考えられる雌雄の状態についても紹介し、簡単なモデルから雄が雌に食われることが適応的になる状況について考察する。これらを踏まえてカマキリの性的共食いの進化的な要因を探る。

【P1-28】 複数レベル淘汰で考察するアミメアリの社会行動

○早坂脩平¹、廣田忠雄² (¹山形大・院理工、²山形大・理)

アミメアリ(*Pristomyrmex punctatus*)は単為生殖で増殖し、コロニーはクローンによって構成されやすいため、血縁淘汰説によって協力行動の維持を説明できる好例とされてきた。しかし近年、コロニー内に複数の遺伝系統が共存する事例が多く発見された。本種の協力行動の進化と維持を説明するためには、血縁淘汰説以外の究極要因についても理解する必要がある。Traulsen & Nowak (2006)は、複数レベル淘汰モデルによって協力行動が進化する条件を探索した結果、個体群中に集団が多く存在するが、集団内の個体数は少ないほど、協力行動が進化しやすい事を示した。彼らのモデルをベースに、適応度関数や個体またはコロニーの死滅条件、そして遺伝的多様性などの要素をアミメアリの生態に基づいて改変し、再解析した。

結果、彼らのモデルと同様の傾向に加えて、改変した要素から個体群が協力的または利己的になり得る条件が示された。これらの結果を踏まえ、今後の野外検証をどう行うべきか考察する。

【P1-29】 ライバルが鍛える防衛力～ウメマツオオアリ亜属の形質置換

小針洋助、白戸亮吉、○廣田忠雄 (山形大・院理工)

姉妹種であるナワヨツボシオオアリとヤマヨツボシオオアリは、側所的に分布している。ナワヨツは本州南部に生息するが、ヤマヨツは主に本州北部に生息する。両種が共存する地域でも、ナワヨツは平野部に、ヤマヨツは山間部にと分かれている。ナワヨツが寒冷な地域に侵入できないことについては、最低温度が -3.5°C 以下の地域では越冬できないことでうまく説明出来る。しかし、ヤマヨツが温暖な地域に侵入しないことについては、未だ確かな説明はない。両種の営巣場所が似ていることから、営巣場所をめぐる競争を通じて、ナワヨツがヤマヨツを駆逐している可能性がある。本報では、営巣場所が限られた条件で2種を遭遇させ、闘争行動を記録した。その結果、ヤマヨツの北部個体群は営巣場所をナワヨツに奪われるが、ナワヨツの生息域に隣接する中央部の個体群はナワヨツから営巣場所を奪われないことが分かった。以上の結果は、防衛力にかかる淘汰圧が競争種の有無によって異なることを示唆する。

【P1-30】 女王の越冬生存におけるワーカーの役割

○白戸亮吉¹、佐藤俊幸²、廣田忠雄³ (1山形大・院理工、²東京農工大・獣医、³山形大・理)

日本産の樹上性オオアリであるヤマヨツボシオオアリは分巢という繁殖形態をとり、新女王がワーカーと共に越冬することで、近縁種の結婚飛行で分散するナワヨツボシオオアリよりも寒冷な地域に適応したと考えられる。両種ともワーカーの存在によって女王の越冬生存率が上昇するが、ヤマヨツボシオオアリは多女王種であるので他の女王の存在も影響している可能性があった。しかし、越冬実験では女王数は女王の生存率に影響していなかった。一方、メジャーワーカーの生存率は女王が多いと減少した。ヤマヨツボシオオアリのメジャーワーカーは蜜壺としての機能をもっている可能性があり、低温下でも栄養交換が観察されている。本研究では共存するカーストと栄養状態がどのように女王の越冬生存率に影響しているか検証した。実験の結果、どちらの要因にも有意な影響は検出されなかった。そのため、女王の越冬生存率を上昇させるのは、越冬中のワーカーの行動ではなく、ワーカーが存在自体である可能性が示唆された。

【P1-31】 捕食性テントウムシ近縁2種における食性幅の進化

○鈴木紀之¹、大澤直哉²、西田隆義¹ (1京大院・農・昆虫生態、²京大院・農・森林生態)

近縁種間において食性幅が多様化した要因を明らかにするために、ナミテントウとクリサキテントウの孵化幼虫の捕食パフォーマンスを調べた。ナミは多種のアブラムシを利用するジェネラリストであるのに対し、クリサキは松のアブラムシだけを利用するスペシャリストである。両種の孵化幼虫に4種のアブラムシを与えたところ、ナミでは松のアブラムシに対する捕食パフォーマンスが著しく低下したのに対し、クリサキでは顕著な低下は見られなかった。クリサキでは、子1匹あたりの母親による投資量が大きく、かつ幼虫の採餌形態を特殊化することで、足の速くて捕まえにくい松のアブラムシをうまく捕食できることが分かった。また、クリサキは野外ではまったく利用しないアブラムシも、実験条件下では捕食できることが分かった。したがって、トレードオフはクリサキの寄主特殊化の要因ではないことが示唆された。ナミと異所的に分布している南西諸島では、クリサキは松のアブラムシ以外のエサも利用している。これらのことから、何らかの種間競争がクリサキの寄主特殊化にとって重要であることが予想される。

【P1-32】 キイロショウジョウバエにも見られた発育期間と概日リズムの遺伝相関：人為選抜実験とゲノムワイドスクリーニングの結果から

寺村皓平¹、○宮竹貴久¹、岡田泰和¹、高橋一男² (1岡大・院環境、²岡大・異分野融合コア)

発育期間と概日リズムに遺伝相関がある場合、発育期間に掛る自然選択が、概日リズムの変化を介して交尾行動を行う時刻にも違いを生じさせ、生殖隔離が起こる可能性がある。ウリミバエを用いた先行研究では、このような遺伝相関が既に検出されており、生物時計と種分化の関係の理解において重要な知見が得られている。しかし、非モデル生物を用いた責任遺伝子の探索は困難であるため、キイロショウジョウバエを材料に、このような遺伝相関の有無を検討した。発育期間に対して長期化と短期化の方向へ、分断化選択を10世代以上行った結果、発育期間に明瞭な分断反応が見られた。また、アクトグラフを用いた歩行活動周期の解析により、選択を受けた集団で、概日リズムの有意な変化が検出され、発育期間と概日リズムに遺伝相関が存在する可能性が示唆された。均一な遺伝的背景を持つ欠失系統を用いたゲノムワイドスクリーニングにおいても、発育期間と概日リズムの両方に影響を持つ欠失領域が複数見つかった。この結果は、発育期間と概日リズムの両方を制御する分子機構が複数存在する可能性を示唆している。

【P1-33】 *Saccharomyces*属酵母における種間の生殖隔離について

○久富泰資、杉原千紗、郷原通人、松井亮仁 (福山大・生命工学)

*Saccharomyces cerevisiae*は、エタノール発酵や分子生物学の実験材料として幅広く用いられている。私たちは、これに2種の*Saccharomyces*属酵母を加えて、生殖隔離の実態と機構の解明を目指した。

まず、*S. paradoxus*と*S. kudriavzevii*のホモタリック基準株から、ホモタリズム遺伝子を破壊し、1倍体株を得て、交雑実験を行った。*S. cerevisiae*は*S. paradoxus*と高頻度で雑種を形成したが、*S. kudriavzevii*とはより低頻度の雑種形成を示した。*S. paradoxus*と*S. kudriavzevii*の間では極僅かな雑種形成しか認められなかった。

次に、種間雑種の孢子形成能を調べた。*S. cerevisiae*と*S. paradoxus*の種間雑種では高い孢子形成能が認められたが、*S. cerevisiae*と*S. kudriavzevii*の種間雑種の約半数で孢子が形成されなかった。*S. paradoxus*と*S. kudriavzevii*の種間雑種においては、孢子形成は全く見られなかった。

形成された孢子はどれも発芽しなかったため、いずれの場合にも接合後隔離が生じていた。ただし、*S. cerevisiae*と*S. paradoxus*が最も近縁性を示し、*S. paradoxus*と*S. kudriavzevii*の間にはより強い生殖隔離がはたらいていた。電気泳動核型解析を通して、染色体編成と生殖隔離の間に密接な相関関係があることも明らかにした。

【P1-34】 大腸菌高温適応時にみられる細胞挙動の解析

○橋本 智美¹、小宅 綾菜¹、岸本 利彦¹、四方 哲也^{2,3} (¹東邦大・院・理、²阪大・院・情報科学、³ERATO,JST)

大腸菌の耐熱進化過程をモデルとした生物の環境変化への適応・進化過程の解明を目標とし、より高温に適応した大腸菌の創出と、高温適応進化過程における大腸菌の挙動解析を行った。

まず、大腸菌の短期間の高温適応過程における挙動変化をみるため、37°C培養しか経験したことのない大腸菌の培養温度を37°Cから40°Cへ移して30~50日間の挙動を観察した。次に、44.8°C適応大腸菌を用い、0.2°Cずつ及び1°Cずつ培養温度を上昇させ46.4°C、46.8°Cまで適応した大腸菌の長期間にわたる適応過程の挙動解析を行った。大腸菌挙動解析は増殖速度及びフローサイトメトリーにより行った。

培養温度を37°Cから40°Cへ移すと増殖速度は落ち込んで30日程度で回復した。それと同様に、前方散乱(FS)・側方散乱(SS)も温度変更直後に大きくなったのちゆっくりと安定した大きな値へ収束した。この時SS/FSは適応に伴い小さくなっていくことが示された。そこでこの現象が44.8°C株の高温適応にもみられるかを確認したところ0.2°C刻み1°C刻みで共に同じSS/FSの適応に伴う低下が観察された。これより、耐熱進化に伴い細胞内に余分な空間が生まれることが示唆された。

【P1-35】 大腸菌の耐熱進化時に見られる相互作用の解析

○小宅綾菜¹、岸本利彦¹、四方哲也^{2,3} (¹ 東邦大・院理, ² 阪大院・情報科学, ³ ERATO JST)

生物進化メカニズムの解明を目標とし、実験室進化系を構築し大腸菌高温適応進化を行った。これまでに46.6°Cまでの耐熱進化に成功し、その増殖特性の解析より、43.0°Cから44.6°C適応時に濃度依存的増殖が見られた。この濃度依存性は培養液中に分泌された未知の成分を介しており、その増殖促進作用は44.6°C適応株により特異的であった。培養上澄みの有無による増殖様式を、プレート培地を用いてコロニー形成能で検討した。44.6°C適応株は10の7乗個/plate以上でコロニー形成が可能で様々な形態のコロニーが出現し、上澄みの存在により低い菌密度でコロニー形成が可能となった。この結果は44.6°C適応株は相互作用により一部の菌が選択的に増殖し易くなることを示している。液体培養においては植菌後の経時的な菌の増殖動態を解析した。44.6°C適応大腸菌は上澄みの添加・不添加により菌の動態に差が生じ、上澄みの添加により培養液中で菌の選択が行われたことが示唆された。以上のことから大腸菌は耐熱化の過程で形態を含めた多様な性質を獲得し、相互作用により菌集団の増殖特性が変動することで適応進化が促進されることが考えられた。

【P1-36】 複数系列の大腸菌の高温適応進化過程におけるゲノム変異解析

○飯島玲生¹、小宅綾菜²、橋本智美²、金子冬朗³、鈴木真吾³、岸本利彦²、應蓓文³、四方哲也^{3,4} (¹阪大院・生命機能、²東邦大院・理、³阪大院・情報・バイオ情報、⁴ERATO・JST)

実験室内進化実験は遺伝型や表現型の変化を経時的に観察することができるため、生物がある環境に適応するまでの進化(適応)過程について、詳細に調べることができる。適応進化過程において、ゲノム全体にわたって生じた変異を調べることによって、生物がどのような進化戦略をとっているのかを明らかにする。そこで、当研究室では世代時間の短い大腸菌を対象とし、実験室内進化、すなわち、継代培養によって、45°C適応株を獲得し、そのゲノム配列を調べた結果、高温に対する適応進化の過程では大腸菌の自然突然変異率が上昇することがわかった。しかし、これまでの進化実験が1系列であるために進化戦略の一般性が分からない。ここで、本研究では45°C適応株からさらに温度を0.2°Cずつ上げて、複数系列で実験室内進化を行い、46°Cでもでも生育可能な大腸菌を獲得した。次世代シーケンサーを用いて、独立した異なる適応進化プロセスを経た46°C大腸菌株のゲノム配列を解析した。その結果、培養系列によって、蓄積した変異が異なることが分かった。これらの変異情報を解析し、適応進化後に見られたゲノム変異の必然性と偶然性について報告する。

【P1-37】 高温適応進化における大腸菌の発現プロファイルのスナップショット

○北原 和樹¹、岸本 利彦²、小野 直亮¹、古澤 力¹、鈴木 真吾¹、應 蓓文¹、四方 哲也^{1,3,4} (1大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻 2東邦大学理学部 3大阪大学大学院生命機能研究科 4ERATO,JST)

本研究では実験室内進化実験によって獲得された、通常は死滅する高温環境でも増殖可能な耐熱大腸菌を研究対象として、進化の過程をリアルタイムに解析することで、厳しい環境にさらされた生物の適応・進化に関する知見を得ることを目的とする。実験室内進化実験では、培養温度を最適増殖温度である37°Cから徐々に高温にシフトさせていき、8000世代以上の継代培養を経て45°C環境下でも増殖可能な耐熱大腸菌が獲得された。本研究では、この耐熱大腸菌に対してGeneChipを使用して細胞内の全mRNA量を定量化し、全4500遺伝子の発現量を数値データ化することで、進化前後の遺伝子発現パターンを比較・解析した。その結果、各適応段階の大腸菌細胞が異なる発現パターンを示した。45°C環境に適応した細胞は、ヒートショックタンパク質の定常的な高発現に伴い、ストレス応答遺伝子群の発現が進化前の祖先株の37°C環境下での発現パターンに緩和していくことが観察された。さらに、遺伝子変異と発現パターンの相関を議論する。

【P1-38】 大腸菌とバクテリオファージQ β を用いた実験室内共培養系における寄生者の宿主特異性の変化

○柏木明子¹、四方哲也^{2,3,4} (1弘前大・農学生命、2阪大・院情報科学、3阪大・院生命機能、4ERATO・JST)

大腸菌とそれに感染する溶菌性RNAバクテリオファージQ β (Q β ファージ)を用いた実験室内共培養系を構築した(2009年進化学会年大会)。本年会では実験室内共進化系での大腸菌とQ β ファージの表現型変化解析から寄生者の宿主特異性が変化したことを報告する。

共培養開始時、54、163ファージ世代での大腸菌とファージ集団、Q β ファージだけを94世代継代したファージ集団を分離し、それぞれの大腸菌とファージ集団の適応度を測定した。共培養した大腸菌でのQ β ファージ集団の増幅率が約1000倍小さくなっていったことから大腸菌はファージに対して抵抗性を示すようになったと考えられる。共培養したQ β ファージと元のそれとの相対適応度を比較したところ、相対適応度は共培養開始時の大腸菌に対しては小さく共培養した大腸菌に対しては大きくなった。本実験室内共培養系において、抵抗性を示す大腸菌が生じそれに感染可能なファージ集団が生じるという双方の適応度上昇と寄生者の宿主特異性変化が生じた。塩基配列変化結果より、少なくとも54ファージ世代で、Q β ファージゲノム内の1アミノ酸変化によって宿主特異性の変化が生じ得ることを示した。

【P1-39】 クルミホソガにおける幼虫の寄主適応の遺伝基盤

○大島一正, 長谷部光泰 (基生研・生物進化)

植食性昆虫は全生物種の1/4以上を占める多様なグループであり、植食性昆虫全体としては様々な植物種を餌として利用している。しかし個々の昆虫種に注目すると餌として利用できる植物種はごく限られており、これは雌成虫の産卵する植物に対する好み(産卵選好性)と、幼虫が寄主植物を食べて成長できる能力(代謝能力)が各寄主植物に特化しているためである。よって、昆虫類が新たな寄主植物へ進出するには産卵選好性と代謝能力の両方が進化する必要がある。我々はこうした複合的な進化を可能にした遺伝基盤を解明するため、累代飼育が容易なクルミホソガ(鱗翅目:ホソガ科)の実験系を用いて研究を行っている。クルミホソガには、クルミ科植物のみを寄主とするホストレースと、ツツジ科のネジキのみを寄主とするホストレースが知られている。今回は幼虫の代謝能力に関与する領域を特定するため、両ホストレース間での交雑から戻し交雑雑種を作成し、167個のAFLPを遺伝マーカーとして連鎖解析を行った。その結果、幼虫の代謝能力を決定している遺伝子座はただ1つの常染色体上のみ存在することが示唆された。

【P1-40】 植物細胞を延命・肥大・分裂増殖させるエゴノキハイボタマバエの寄主改変メカニズム

○徳田誠¹、軸丸裕介²、神谷勇治²、湯川淳一³、深津武馬⁴ (1九大・高推セ、²理研・PSC、³九大、⁴産総研)

植食者の中には、植物を単に摂食するのみならず、植物組織を物理的・生理的に改変して利用するものがある。生理的改変の例として、植食者による落葉上の植物組織の延命 (Green island formation; 以下GIF) が知られている。延命した植物組織では、植物ホルモンのサイトカイニンが高濃度で蓄積しており、サイトカイニン存在下でインペルターゼが活性化することによりGIFが生じることや、一部の植食者では、細胞内共生微生物が合成するサイトカイニンがGIFに寄与していることが示唆されるなど、その機構が明らかになりつつある。

エゴノキの葉にゴールを形成するエゴノキハイボタマバエは、落葉上でゴール組織を延命させるのみならず、植物細胞を肥大および分裂増殖させるという驚異的な能力を有する。ゴール組織における植物ホルモンの動態を網羅的に解析した結果、GIFの既知事例とは異なり、サイトカイニンの増加は認められないこと、アブシジン酸やオーキシン、および、活性型ジベレリンGA₁が有意に増加していることなどが判明した。したがって、本種による植物細胞制御は、既知のGIFとは本質的に異なる機構によると考えられた。

【P1-41】 オオムギ染色体導入コムギを用いた昆虫による植物形態操作機構へのアプローチ

○神代 瞬¹・松倉 啓一郎²・軸丸 裕介³・川浦 香奈子⁴・松村 正哉²・神谷勇治³・荻原 保成⁴・徳田 誠⁵ (1九大院・生資環・昆虫、2九州沖縄農研、3理研・PSC、4横浜市大・木原生研・5九大・高推セ)

様々な昆虫が寄主植物の形態形成を操作し、種特異的な形状のゴールを形成する。昆虫による植物形態操作のメカニズムは非常に興味深い但未解明である。フタテンチビヨコバイは旧世界の熱帯から亜熱帯を中心に広く分布し、イネ科植物を寄主とする。本種に吸汁されたコムギやイネ、トウモロコシは、新規展開葉の葉脈がこぶ状に隆起してゴール化するとともに、草丈が萎縮するが、オオムギにはこうした症状は見られない。本種による植物形態操作のメカニズムに迫るため、オオムギの7対の染色体を1対ずつ導入したコムギ系統を用いて、本種の吸汁に対する感受性を比較した。その結果、葉脈隆起と萎縮程度の2形質は、染色体導入系統間で大きく異なっていたが、両形質の間に明確な相関は見られなかった。したがって、葉脈隆起と萎縮は、ともにヨコバイの吸汁により生じるものの、独立した現象であることが示唆された。また、ヨコバイ吸汁および非吸汁時の新規展開葉における植物ホルモンを網羅的に定量したところ、コムギ系統間・ヨコバイ処理間で、サイトカイニンやアブシジン酸、ジャスモン酸などに顕著な違いが見られた。以上から、本種による植物形態操作機構に関して考察する。

【P1-42】 捕食寄生蜂が寄主昆虫を操作して植物の形態を変化させる？ —植物形態操作を介した一次捕食寄生者による高次捕食寄生回避戦略—

藤井 智久¹、松尾 和典²、阿部 芳久¹、湯川 淳一³、徳田 誠⁴ (1九大院・比文、²九大院・生資環、³九大、⁴九大・高推セ)

寄生者は様々な方法で寄主を操作し、自身の適応度を高めることが知られている。ゴール形成性タマバエの捕食寄生蜂は、その寄生戦略から、内部捕食寄生蜂と外部捕食寄生蜂に分けられる。内部捕食寄生蜂は、ゴールが生長する前に寄主の卵や一齢幼虫に寄生し、寄主が終齢幼虫になってから寄主体内で急速に発育する。一方、外部捕食寄生蜂は、ゴール壁を貫通するための長い産卵管を持ち、ゴールが生長した後に寄主の終齢幼虫や蛹に寄生し、寄主を外部から摂食する。両者がともに寄生した場合、内部捕食寄生蜂は寄主もともと食べられてしまうため、外部捕食寄生蜂のみが生き残る。*Platygaster* sp. (膜翅目：ハラビロクロバチ科) は、マサキの葉にゴールを形成するマサキタマバエ (双翅目：タマバエ科) の内部捕食寄生蜂である。本種に寄生されたマサキタマバエのゴールと寄生されなかったゴールの厚さを計測したところ、多くの地点で寄生されたゴールの方が有意に厚かった。ハラビロクロバチは何らかの方法で寄主を操作してゴールを肥厚化させ、外部捕食寄生蜂による高次捕食寄生を回避していることが示唆された。

【P1-43】 ヒメナガカメムシ類における菌細胞共生系の進化的起源

○松浦優^{1, 2}、菊池義智²、古賀隆一²、細川貴弘²、深津武馬² (¹筑波大・院生命環境, ²産総研・生物プロセス)

多くの昆虫類の体内に、共生細菌の保持に特殊化した「菌細胞」とよばれる細胞群が存在し、共生器官を形成している。このような細胞と器官の進化および発生的起源は大変に興味深い、ほとんどが未解明である。多くの植食性カメムシ類は、中腸後端に多数の盲嚢をそなえ、その内腔に腸内共生細菌を保有している。しかし例外的に一部のナガカメムシ類で、盲嚢をもたず菌細胞内に共生細菌を保有するという70年前の組織学的記載がある (Schneider 1940)。これらのグループは菌細胞共生系を新規に獲得した可能性があり、その進化的起源に興味をもたれる。今回我々は、ヒメナガカメムシ類の腹部背側にある一対の菌細胞塊および卵巣内に存在する新規な細胞内共生細菌について報告する。この細胞内共生細菌は γ プロテオバクテリア内で単系統群を形成し、他のナガカメムシ類の腸内共生細菌とは異なるものであった。ナガカメムシ科昆虫の系統解析より、腸内共生系が優占するナガカメムシ類の中で、ヒメナガカメムシ類において菌細胞が新規に進化したことが示唆された。すなわちヒメナガカメムシ類は、菌細胞共生系の進化的起源を解明するうえで優れたモデル系となる可能性がある。

【P1-44】 細胞内共生細菌の感染限界：数理モデルによるアプローチ

○河崎 祐樹¹、伊藤 浩史²、梶村 恒¹ (¹名古屋大院・生命農、²お茶大・アカプロ)

多くの昆虫がボルバキアをはじめとする様々な細胞内共生細菌に感染している。1種に複数種・系統の共生細菌が感染すること (多重感染) も多く、例えばこれまでに、最大で9系統のボルバキアの同時感染が報告されている。しかし、“細胞内”というせまい空間に生息するため、感染できる最大系統数には限界があると思われる。共生細菌の感染に影響する要因として、生息場所・栄養資源をめぐる競争があげられる。複数の系統が共存しているとき、単感染の時よりも共生細菌の密度が減少する現象も確認されている。また、共生細菌の密度は細胞質不和合性や垂直伝播率に関わるため、複数の系統が同時に感染するのは難しいかもしれない。しかし、細胞内で共生細菌の感染の閾値がどのように決まるかは未だに不明である。本発表ではFrank (1998)で提示された数理モデルを発展させ、多重感染している共生細菌の感染率の平衡点を提示する。さらに1種に感染している系統数と、そのときの細胞質不和合性の強さ・垂直伝播率の関係式から、共生細菌が1種の宿主に感染することができる最大系統数を求める。

【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)

昆虫の体色は、しばしば擬態、隠蔽色、警告色、婚姻色などの機能を有しており、生存や繁殖に関わる重要な性質として進化してきた。多くの昆虫と同様、エンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* には種内に明瞭な体色多型 (主に緑色型と赤色型) が存在し、捕食や寄生回避に重要な役割を担っていることが知られてきた。このような性質は当然、昆虫自身によるものと考えられてきたが、我々は、アブラムシの体色多型の一部は新規に発見した共生細菌の感染によって生じていることを発見し、昨年度の本大会において報告を行った。本発表では、共生細菌の系統学的位置や、野外集団における感染率、感染が宿主適応度に与える影響、アブラムシ体内での細菌存在量と体色の関係について、詳細に報告する。さらに、アブラムシ体内のカロテノイド組成や合成遺伝子の発現、および水溶性色素組成の解析結果についても報告し、本現象がアブラムシ色素組成の共生細菌感染による変化に起因していることを示す。また、共生細菌の感染は、体色が変化した個体のみならず、捕食者や寄生者にまで影響を与えることが推測される。その影響についてもあわせて考察する。

【P1-46】 誰でもいいの？：チャバネアオカメムシの絶対的相利共生細菌に見られる個体間多型

○細川貴弘¹、深津武馬¹ (¹産総研・生物共生進化機構)

生存や繁殖に必須な共生微生物を持つ生物は多い。このような絶対的相利共生関係は、長期間に渡る共生の歴史を経て宿主生物と共生微生物が高度に共進化・共通適した結果と考えられる。したがって、もし共生微生物が別の微生物に置換されると、宿主と微生物の間の相互作用は相利的にはたらず、宿主は適応度が低下して集団中から排除されることが予想される。本研究はチャバネアオカメムシ236個体について絶対的腸内共生細菌の分子生物学的同定をおこない、個体によってまったく異なる共生細菌を保持していることを明らかにした。これまでに確認した6種の共生細菌のうち4種は宿主体外での単離培養が可能であり、植物中や土壌中に見られる *Pantoea* 属の自由生活細菌に極めて近縁であった。これらの結果から、チャバネアオカメムシでは絶対的相利共生関係が進化しているにも関わらず、置換によって生じた共生細菌の個体間多型が維持されていると考えられる。置換と多型維持のメカニズムについて考察する。

【P1-47】 寄生蜂が介在する絶対送粉共生系の進化的安定性

○後藤龍太郎¹、加藤真¹ (1京大・人環)

相利共生関係は、一見仲睦まじい関係に見えるが、究極的には相互に搾取しあう関係であるため、一方の過剰な搾取によって崩壊する可能性をはらんでいる。そのため、共生関係が進化的に安定であるためには、一方の過剰な搾取を抑制する何らかの機構が必要であると考えられている。カンコノキ属植物は、それぞれ種特異的なハナホソガ属ホソガに送粉を依存しており、一方ハナホソガは幼虫期の餌としてカンコノキの種子のみを食べて成熟する。したがって、両者は相互依存の関係にあり、こうした関係は絶対送粉共生系とよばれている。ハナホソガにとっては、送粉にはコストがかかるため、一つの花により多くの卵を産みつける行動が最適だと予測されるが、一方の植物は、過剰な産卵を受けると、果実内の種子は食い尽くされてしまい、送粉の利益を得られなくなる。ハナホソガの幼虫は、コマユバチ科の寄生蜂による捕食寄生を頻繁に受けるが、もしこの寄生蜂が果実内の幼虫を頻度依存的に攻撃するならば、過剰な種子食害が抑制され、植物の利益は守られると考えられる。そこで、カンコノキ属の1種ウラジロカンコノキとその送粉者であるハナホソガの系を用い、この仮説の検証を試みる予定である。

【P1-48】 群集の α 多様性と β 多様性が形作る進化：ハムシの資源選好性における種内変異

○内海俊介¹、安東義乃²、大串隆之³ (1東大・広域、²京大・生態研、³京大・生態研)

植物は質的に大きく変動する資源である。植食性昆虫は常に、この質的変動に対応する必要に迫られている。植物の質的変動を生み出す一つの要因は、植物自身の食害応答である。一つの植物体上には多様な植食性昆虫が生活し、植物は食害を与える種に対して特異的な応答を示すことが多い。そのため、植物資源の利用に関わる適応形質の進化に対して、植食者群集の他種の影響が及んでいる可能性が考えられる。われわれはこれまで、ヤナギとヤナギ上の植食者群集、そして、ヤナギのスペシャリストであるヤナギルリハムシの資源選好性に注目して、この可能性を検討してきた。その結果、局所群集の種構成に依存して、食害応答とそれを介した間接効果のパタンに変異が生じ、それにともないハムシの選好性に対する自然選択の強さや方向が大きく変化することが明らかになった。さらに、局所群集の種多様性 (α 多様性) と局所群集間での種構成の違い (β 多様性) が、個体群間での選好性の適応的分化を駆動する要因となることを示唆する結果を得た。

【P1-49】 演題取り消し

【P1-50】 発生拘束が誘導防御の適応的切り替え時期を決定する

○細 将貴 (東北大・院生命科学)

巻き貝の殻形態は、その成長様式のためにさまざまな制約を受けている。殻内部の断面が円形をとらざるを得ないのはその一例である。いっぽうで巻貝はしばしば対捕食者防御の修飾物を殻口部に構築する。しかし成長中は断面形態が円形に制約されているため、そのような防御形態を備えることができるのは成熟後に限られる。そのため、成熟以前に使用コストの高い誘導防御機構を採用している場合、それは使用コストの低いこの構造的な防御形質が利用可能になると同時に用いられなくなることが予測される。私は、捕食者であるイワサキセダカヘビに対して特異的な防御を殻口部の殻形態によって実現しているイッシキマイマイが、その防御形態が利用可能になる前の未成熟な段階においてはもっぱら自切によって捕食を免れていることを発見した。野外調査および室内実験によって得られたデータは、自切が有効に機能していることとともに高いコストをとらざることを示していた。本研究は、生活史戦略の最適化に発生拘束が強く影響することを示すものである。

【P1-51】 ギャップ情報を利用した分子系統樹推定—多重配列整列と整列の不確実な領域の除去が及ぼす影響—

○田辺晶史¹ (筑波大・院生命環境科学)

挿入・欠失によって生じるギャップの情報を系統樹推定に応用することは分子系統学において長く研究されてきた。これまでの研究では、Simple Indel CodingやModified Complex Indel Codingといった方法によりギャップ情報をバイナリデータなどに符号化し、元の配列データに付加することで正しい系統樹を復元しやすくなることが分かっている。しかし、これらの符号化方法は多重配列整列が十分に信頼できるものであることを前提としている。そこで、シミュレーションデータの解析によって、多重配列整列や整列の不確実な領域の除去がこれらの方法にどのような影響を受けるのかを検証した。シミュレーションでは欠失や挿入が起きることを許容して「真の整列データ」を得た。そこから「MAFFTのE-INS-iによって整列したデータ」と、さらに「trimAlによって整列の不確かな領域を除去したデータ」を作成した。それらの配列データに符号化したギャップ情報データを加え、ベイズ法による分子系統樹推定を行い、パフォーマンスを比較した。今回の発表ではその結果を報告する。

【P1-52】 ミトコンドリアDNAを用いたサキシマスベトカゲ*Scincella boettgeri*の系統地理

○小泉有希、疋田努 (京大・院理)

南琉球 (宮古諸島および八重山諸島) 固有のサキシマスベトカゲ (*Scincella boettgeri*) は、小島嶼に広く分布する地上性の小型のトカゲである。本研究では本種内の地理的変異について把握するため、12の島嶼集団 (88個体) のmtDNAのチトクロームb遺伝子の部分配列 (1044塩基対) を用いて系統樹を構築した。その結果サキシマスベトカゲは、与那国島集団とそれを除く南琉球集団との間に大きな遺伝的分化が認められ、これらの集団間の分化時期が古いことが推測された。また、与那国島を除く南琉球集団内部にも顕著な地理的変異が認められた。例えば、宮古諸島は1つの遺伝的集団を形成し、また八重山諸島内部にも遺伝的に異なる2集団が存在した。前者の宮古諸島の遺伝的集団はハプロタイプおよび塩基多様度が高い値を示したが、後者の2つの遺伝的集団はともに塩基多様度が低く、諸島ごとに集団形成のプロセスが異なる可能性が示唆された。

【P1-53】 分子系統学的アプローチによる頸腺の進化史

○竹内寛彦、森哲、疋田努 (京大・院理)

ヤマカガシ (*Rhabdophis tigrinus*) は、頸腺という特殊な器官をもつヘビである。頸腺は、頸部背面の表皮下にある防御用の器官で、ここに含まれる成分 (プファジエノライド) は、ヤマカガシの餌となるヒキガエルの皮膚毒由来であることがわかっている。つまり、ヤマカガシは、毒をもつヒキガエルを捕食し、その毒を蓄えて自分自身の防御用として再利用する。このユニークな器官をもつヘビは、およそ3000種からなるヘビ亜目のなかでもヤマカガシを含む13種のみで知られており、その多くが*Rhabdophis*属に含まれる。しかし、*Rhabdophis*属内に頸腺をもつ種とまたない種が存在するなど、頸腺の進化史には不明な点も多い。我々は、頸腺の進化史を調べるため、頸腺をもつ種として、*R. nigrocinctus*, *R. nuchalis*, *R. subminiatus*, および*R. tigrinus*, また、頸腺をもたない種として*R. swinhonis*およびソウカダ属の*Xenochrophis punctulatus*を用いて、分子系統解析を行った。得られた系統樹によると、頸腺をもつ*R. nuchalis*と頸腺をもたない*R. swinhonis*が姉妹群を形成し、その外側に頸腺をもつ *R. nigrocinctus*, *R. subminiatus*, および*R. tigrinus*が位置した。この結果は、*R. swinhonis*が一度獲得した頸腺を退化させたことを示しており、頸腺の進化史が単純でないことを示唆している。

【P1-54】 分子系統解析により判明したウグイ亜科魚類の極東地域における独自の進化

○佐々木 剛¹、井元 順一²、Yuri P. Kartavtsev³、足立 淳⁴、半澤 直人² (1東京農大・農、2山形大・院理工、3露科学アカデミー・海洋生物研、4統数研・モデリング)

コイ科ウグイ亜科魚類はユーラシアから北米まで北半球に広く分布し、24属874種で構成される。ウグイ亜科は形態形質に基づいた分類によりさらに2つのグループに分類され、1つは主にヨーロッパ産の種で構成されるleuciscin、もう1つは北米産と極東産 (*Tribolodon*属, *Pseudaspius*属, *Phoxinus*属) で構成されるphoxininである。この分類は比較的地理的分布を反映しておりヨーロッパと北米の間に位置する極東地域には両グループが混在し、系統進化的に興味深い地域である。ウグイ亜科全般を網羅したミトコンドリアDNA *cyt b*遺伝子とD-loop領域部分配列を用いた我々の先行研究では極東産phoxininの*Tribolodon*、*Pseudaspius*、*Phoxinus*が北米産の種と大きく遺伝的に分化し、極東地域で独自に進化した可能性を示唆した。本研究は極東産ウグイ亜科の進化史についてさらに検証するため核遺伝子配列を用い分子系統解析を行う。

【P1-55】 ミトコンドリアDNA全長の塩基配列決定によるカグラザメ目の系統関係

○田中景子¹、椎名隆¹、猪子英俊¹、田中彰² (¹東海大・医、²東海大・海洋)

サメ類はエイ類とともに板鰓亜綱に属し、3億年前よりその形態をほとんど変化させていないと考えられている。近年、エイ類は分子系統進化的にサメ類とは別系統を示すことが知られている。サメ類はツノザメ上目とネズミザメ上目に代弁されるが、ツノザメ上目カグラザメ目は、鰓孔が6-7対で背鰭が一つのみで構成されるなど、他種と比較して特異な外部形態を有する。一方、カグラザメ目の分子進化的情報は乏しく、その系統関係は不明である。本研究では、カグラザメ目全5種のミトコンドリアDNA(mtDNA)全塩基配列を決定し、他種との比較から、その進化的位置の考察を目的とした。

mtDNA全塩基配列決定から、カグラザメ目全5種の塩基数は17,223bpから18,909bpで構成され13個の遺伝子、2個のrRNAならびに22子のtRNAは他種と同様に保存されていることが判明した。ML法、ベイズ法、NJ法による系統樹は、いずれともエイ類とサメ類との種分岐後、カグラザメ目他サメ類よりも古い時期に種分岐した系統関係を示した。とりわけ、ラブカはカグラザメ目で最も古い時期に種分岐した系統関係を示した。したがって、カグラザメ目はサメ類の中で単系統を示し、これまでのツノザメ上目に含まれるカグラザメ目を除く他の目と、ネズミザメ上目に含まれる目がクレードを示す新しい系統関係が示唆された。

【P1-56】 カグラザメ目サメ類におけるミトコンドリアDNA調節領域の多様性と進化

○金城その子¹、小見山智義²、椎名隆²、田中景子²、田中彰³、池尾一穂¹ (¹遺伝研・生命情報センター、²東海大・医、³東海大・海洋)

本研究では、比較的原始的な形態を有したカグラザメ目に属するサメに注目し、これらのミトコンドリアDNA調節領域(D-Loop)の多様性とその進化過程を明らかにすることを目的として、軟骨魚綱の8目17種について調節領域の配列比較を行った。調節領域の長さは17種間で多様化しており、板鰓亜綱の多くの種では1050-1310bpと比較的短く変異が小さいのに対し、カグラザメ目では1299-3259bpと長く変異が大きかった。また、脊椎動物全般で保存されている超保存的配列ブロックは、板鰓亜綱全体でもよく保存されており、調節領域が特に長い種では、配列ブロックの5'側にリピート配列の大規模な挿入がおこっていることがわかった。一方、全頭亜綱ギンザメの調節領域も2969bpと長い。tRNAの挿入によって2つに分断されており、板鰓亜綱サメ類との配列の類似性はほとんどなかった。これらの結果から、カグラザメ目サメ類の長い調節領域は全頭亜綱とは独立に獲得されたものであり、板鰓亜綱の祖先種からカグラザメ目が分岐した後にはリピート配列の大規模な挿入がおこり、独自に伸長したのではないかと考えられる。

【P1-57】 新大陸産マメゾウムシの多様性は適応放散によってもたらされたのか？

○加藤俊英¹、Arturo Bonet²、吉武啓³、神保宇嗣¹、伊藤元己¹、嶋田正和¹ (¹東大・院・総合文化、² Instituto de Ecologia, Mexico、³農環研・インベントリセンター)

Ehrlich and Raven (1964)以降、二次代謝産物を介した植物-昆虫間の相互多様化仮説が植食性昆虫の多様性を説明する主要な仮説として議論されてきた。この仮説では、植物の獲得した新規二次代謝産物を代謝することが可能になった植食性昆虫が、二次代謝産物の類似した植物上で多様化することで多様化が進むと考えられており、植食性昆虫の多様化は適応放散として考えることができる。しかしながら、その過程についての実証的な研究は多くない。本研究では、多様性が高い新大陸産のマメゾウムシAcanthoscelidini族8属55種を対象とし、植食性昆虫の多様化が適応放散によってもたらされているかを検討した。

16-12SrRNAの部分配列の分子系樹を用いたPTP検定によって各マメゾウムシが利用する植物の分類群と、それら寄主植物の既知の二次代謝産物についての系統保存性を評価した結果、L-カナバニンなど植物の二次代謝産物に対する強い系統保存性が見られた。この結果を踏まえ、新大陸産マメゾウムシの多様化過程において適応放散が起こっているかについて議論する。

【P1-58】 比較系統地理によるクマゼミとアブラゼミの分散パターンの推定

○長太伸章¹、曾田貞滋¹（¹京都大・院理）

移動分散パターンの違いは分布域の拡大縮小に影響するだけでなく、遺伝子流動や地域間分化を通じて種内の遺伝的構造にも大きく影響する。日本に生息するセミのうち、大型のアブラゼミとクマゼミでは近年分布の変化が起こっていることが報告されており、クマゼミは分布を北に拡大しているが、アブラゼミは都市部を中心に減少しているといわれている。そこで2種の移動分散パターンの違いについて、比較系統地理解析によって解明することを試みた。

2009年に両種について分布域全域から多数の地域集団を採集し、ミトコンドリアDNA COI遺伝子の塩基配列に基づく比較系統地理解析を行った。その結果、アブラゼミは遺伝的多様性が高く、地域間の遺伝的分化が見られた。一方、クマゼミは遺伝的多様性が著しく乏しく、地域間の遺伝的分化はほとんど見られなかった。このことから、クマゼミは分散能力が非常に高く、遺伝子流動も活発であるのに対し、アブラゼミは定着性が強く、分散があまり起こっていないと考えられた。これらの分散パターンの違いが、現在見られている両種の分布の変化の違いをもたらしている要因の一つであると考えられる。

【P1-59】 東南アジア産テイオウシジミの分子系統地理

○矢後勝也¹、Alexander L. Monastyrskii²、近藤真理子³、Richard I. Vane-Wright^{4,5}、Bakhtiar Yahya⁶、Djunijanti Peggie⁷、上島 励⁸（¹東大・総合研究博物館、² Vietnam-Russia Research Tropical Centre、³東大・院理・臨海、⁴ The Natural History Museum, London、⁵ Univ. Kent、⁶ Univ. Malaysia Sabah、⁷ Research Centre for Biology, LIPI、⁸ 東大・院理・生物科学）

シジミチョウ科のテイオウシジミ属 *Neomyrina* は、3亜種を含む *N. nivea* の1種のみから成ると考えられてきた。ところが、ベトナム中部から本属の未記載種と思われる個体が発見された。そこで未記載種の他、既知種の分布域全体の斑紋や♂♀交尾器を再検討したところ、*N. nivea* の1亜種 *ssp. hiemalis* とされていた一群は独立種にランクされることが判明した。また、*N. nivea* と *N. hiemalis* との間はマレー半島の Kangar-Pattani line を境に南北で分布を異なることが分かった。この line は Kra 地峡とともに、スダランドーインドシナ間の生物相での生物地理学的な境界線としても知られる。

この興味深い分布の成立過程や種分化過程を明らかにする目的で、本属内のミトコンドリアと核の双方を用いた分子系統解析を行った。その結果、おそらく気候変動に伴う鮮新世初期の海進により、Kangar-Pattani line 付近で本属の共通祖先が約5.5百万年前に分断され、さらにインドシナに分布する *N. hiemalis* とベトナム中部固有の未記載種との共通祖先が約4.6百万年前に分岐したらしいことが判明した。

【P1-60】 複数の核遺伝子による多足亜門の系統解析

○宮澤秀幸¹、上田千晶¹、石渡啓介¹、宮田隆²、蘇智慧^{1,2}（¹ 阪大・院理、² JT生命誌研究館）

節足動物門は六脚亜門、甲殻亜門、多足亜門、鋏角亜門の4つの亜門からなる。近年の分子系統学の研究により、六脚亜門は多足亜門ではなく、甲殻亜門と姉妹群（汎甲殻類）を形成することが明らかになった。一方、多足亜門の系統的位置については、六脚亜門と甲殻亜門からなる汎甲殻類と姉妹群を作る大顎類 (Mandibulata) 説を支持する研究もあれば、鋏角亜門と姉妹群を形成するという Paradoxopoda 説も提唱されている。また、多足亜門内部においては、4綱（ムカデ綱、ヤスデ綱、コムカデ綱、エダヒゲムシ綱）のそれぞれの単系統性や、目間の系統関係についても、まだ不明なことが多い。本研究は節足動物門の系統進化を理解するために、多足亜門の系統的位置と亜門内の目間の系統関係の解明を試みている。今回は多足亜門と鋏角亜門の代表的な種について、3つの核タンパク質遺伝子 (DPD1、RPB1、RPB2) の配列を決定した。これらの分子データを用いて、系統解析を行ったところ、Paradoxopoda 説を支持する結果が得られた。この結果を報告すると共に、目間の系統関係についても考察を行う。

【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・微生物・マラリア学、³阪大・微研・分子原虫）

マラリア原虫（*Plasmodium*属）は、アピコンプレクサ（Apicomplexa）門に属する単細胞の寄生性原生生物であり、原虫感染症のひとつであるマラリアを引き起こす。マラリア原虫は、ほ乳類・鳥類・爬虫類といった幅広い陸生動物を宿主とし、これら宿主とともに共進化してきたと考えられる。最近我々は、マラリア原虫の進化史の構築をおこない、マラリア原虫の起源において、宿主転換による急速な多様化（マラリアビッグバン）がおこっていることを見だし、宿主転換の重要性を指摘した。これは従来の共分岐を前提とする共進化観とは異なるものである。

マラリアビッグバンの提唱は、ミトコンドリアゲノムを用いた解析にもとづいており、核ゲノムといったミトコンドリア以外のオルガネラのゲノムを用いた解析での、さらなる検証が待たれる。そこで我々は、核ゲノムに存在するエネルギー代謝に関わる22種類の遺伝子を用い、マラリア原虫の進化史を調べた。その結果、ミトコンドリアゲノム解析と同様、マラリアビッグバンを見だし、宿主転換が重要な寄生適応戦略であることを再確認した。

【P1-62】 Japonic Language Phylogenies Support Agricultural Origin of Japan

Lee Sean Sangheon（東大・総合文化研究科）

Languages, like species or genes, seem to evolve by a process of descent with modification. This striking similarity between biological and linguistic evolution has enabled application of phylogenetic methods to explore how certain languages, as well as the speakers of those languages, are related to one another in space and time. For example, language phylogenies constructed with lexical data have revealed large-scale population expansions such as Austronesian, Indo-European and Bantu language families. However, how robustly the phylogenetic approach can accommodate linguistic changes and what it reveals about the prehistoric population expansions on a global scale should be examined more exhaustively. Here we report a phylogeny of 58 Japonic languages and dialects. We used this phylogeny to estimate the root time and compared it with the age range suggested by agriculture-driven expansion scenario for Japan. The results support the agricultural expansion theory of Japanese origin.

【P1-63】 人類洞窟デジタル進化仮説 – 言語のセントラルドグマ 記憶→信号→意味

得丸公明（衛星システムエンジニア・自然思想家）

これは2008年大会で発表した人類洞窟進化説の完成版である。

現生人類の言語とは、音節という離散・有限信号を使って、単語を形成し、さらに文法にもとづく言葉づかいによって、長く複雑なメッセージを送ることができるデジタル通信である。言葉の意味とは、脳内長期記憶であり、五官にもとづく知覚記憶（具象概念）と、言語だけからなる言語記憶（抽象概念）の両方がある。

ヒトのデジタル通信システムのモデルは、遺伝子である。情報の一方向的な流れ(RNA→コドン→タンパク質、音節→単語→言い回し)、意味作用をはたらくRNAと音節がデジタル信号に進化したこと、など共通点は枚挙にいとまがない。言葉のセントラル・ドグマと呼びうる現象がヒトの脳内でおきている。

ヒトだけがデジタル通信が可能となったのは、本来早成的な霊長類であるのに、生後1年間寝たきりで過ごす「二次的晩成性」を獲得し、脳容量を体重比で4倍に増大させ、チンパンジーよりも1000ccも多量にしたからである。それはヒトの社会のありようも子ども中心の「学ぶサル」の社会へと変えた。

音声通信がデジタル式かアナログ式かということだけが、ヒトとヒト以外の動物を隔てる唯一の違いである。脳や筋肉や内臓の構造や生理現象、好き嫌いの感情、気質や知能レベルの個体差という点でヒトと動物の間に差はない。動物も心をもつが、それを言葉で表現できないだけ、ヒトがそれを知らないだけである。

一般ポスター発表: P2

【P2-1】 巻貝の貝殻らせん成長のEvo-Devo

○清水啓介¹、遠藤一佳² (¹筑波大・院教育、²東京大・院理)

タケノコモノアラガイ (*Lymnaea stagnalis*; 軟体動物, 巻貝) では、最初に貝殻が形成される原腸胚の貝殻腺において、分泌成長因子BMP2/4が発現することが知られる。本研究では、BMP2/4の阻害剤 (Dorsomorphin) を用いてその機能を調べた。その結果、原腸胚以降でBMP2/4のシグナルを阻害しても貝殻は形成されたが、より初期の発生段階 (2細胞~胞胚期) で阻害すると、完全な貝殻は形成されないことがわかった。このことから、BMP2/4が貝殻形成に必須である可能性が示唆された。さらに、モノアラガイ以外の巻貝でBMP2/4の機能が保存されているのかどうかをサカマキガイ (*Physa acuta*, 左巻) とカラマツガイ (*Siphonaria japonica*, 笠型) を用いて検証し、巻貝における貝殻のらせん成長のメカニズムの発生遺伝学、進化発生学的な考察結果を今回発表する。

【P2-2】 The expression of germ-cell development gene vasa in asexual and sexual modes in the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*

Gee-way Lin (林季璋)^{1,2}, Chun-che Chang (張俊哲)¹ and Toru Miura (三浦 徹)² (¹台湾大学・院農・昆虫体系、²北大・院環境)

The pea aphid *Acyrtosiphon pisum* has become an emerging model for ecological, developmental and evolution studies. The alternative sexual and asexual generations are induced by short and long day length respectively. Even based on the same genome, haploid gametes in the sexual generation or diploid embryos in the asexual generation are produced by the differential expressions of developmental genes. In the asexual generation, within two weeks, aphids produce their offspring without fertilization and germ cells in the gonad of embryo start to differentiate before giving birth. Vasa is an important gene for the determination of germ cells, and we have previously revealed that its protein product specifies germ cells early in the asexual pea-aphid embryos as well as in *Drosophila*. However, it is different from other early-evolved insects whose germ cells are induced at late embryogenesis. Considering that there are four gene copies for vasa in the pea-aphid genome and that the sexual embryogenesis takes much longer time than the asexual one, these four vasa genes may be used differently in different modes of development. In this study, in order to compare the vasa expressions between two different reproductive modes, especially focusing on germ-cell development, we analyzed differential gene expressions between sexual and asexual embryos by realtime quantitative RT-PCR and detected the localizations by in situ and antibody staining

【P2-3】 半翅目昆虫の多様化の鍵を握る特徴的な口器の相同性について -コオイムシの胚発生-

○鈴木智也¹、東城幸治^{1,2} (¹信大・院理、²信大・理)

半翅目は不完全変態昆虫類の中で最大の目で、その生活環境や形態は非常に多様である。その半翅目の共通した特徴は、針状に特殊化した口器であるといえるが、半翅目とその他の昆虫との間では、顎部付属肢の相同性について、いまだに多くの議論がなされている。具体的には、小顎においては、半翅目の小顎吻針および小顎板がそれぞれ他の昆虫のどの部位に相同であるのか? 下唇においては、半翅目の下唇鬚の有無についてなどである。また、陸生半翅類と水棲半翅類の間では口器の形成過程が大きく異なると考えられているが、水棲半翅類の口器形成に関しては、ほとんど研究されていない。そこで本研究では、半翅目のコオイムシ (異翅亜目・コオイムシ科) を用い、口器形成過程を詳細に観察した。その結果、小顎および下唇は底節・端肢節に分節した後、小顎では底節が伸長して針状に、端肢節は小顎板になり、下唇では端肢節がさらに分節しながら伸長していく様子が観察された。端肢節は一般的に小顎鬚・下唇鬚となるので、コオイムシにおける小顎板および下唇の大部分はそれぞれ小顎鬚・下唇鬚由来であることが明らかになった。

【P2-4】 脊椎動物の対鰭獲得過程における発生プログラムの変化の解明

○鬼丸光¹、松浦麻奈美¹、將口栄一²、倉谷滋³、田中幹子¹ (¹東工大・生命理工、²OIST、³CDB RIKEN)

顎口類は体壁板側板中胚葉に由来する対鰭を備えているが、原始的な脊索動物は対鰭を獲得していなかった。脊椎動物が最初に対鰭を獲得したのは、一部の原始的な無顎類であったと考えられている。本研究では、対鰭の獲得過程における発生プログラムの変化を明らかにする目的で、対鰭を獲得していない、原始的な脊索動物ナメクジウオと無顎類ヤツメウナギのボディプランを解析した。その結果、対鰭が形成される後側の側板中胚葉に相同な領域は無顎類で確立されたことが示唆された。また、対鰭は後側の側板中胚葉の体壁板に由来するが、後側の側板中胚葉の体壁板と内臓板への分離はヤツメウナギではおこっていないことが観察された。さらに対鰭を獲得していないヤツメウナギでも、対鰭の位置設定に重要な体壁の背腹区画化と頭尾軸のパターンの確立がなされていることが明らかとなった。一方、対鰭の誘導に関わる遺伝子の発現は、ヤツメウナギの体壁で観察することはできなかった。これらの結果から、対鰭誘導遺伝子の発現領域の獲得前に、後側の側板中胚葉の確立、体壁板と内臓板への分離、体壁の背腹区画化と頭尾軸のパターンの確立が対鰭獲得に重要であった可能性が示唆された。

【P2-5】 Developmental basis of heart development in the Japanese lamprey, *Lethenteron japonicum*
Nobuhiro Kokubo¹, Manami Matsuura¹, Koh Onimaru¹, Shigehiro Kuraku², Shigeru Kuratani²,

○Mikiko Tanaka¹ (¹ Tokyo Institute of Technology, ² CDB, RIKEN)

Vertebrate hearts have evolved from undivided tubular hearts of chordate ancestors. One of the most intriguing issues in heart evolution is the abrupt appearance of multichambered hearts in the agnathan vertebrates. To explore the developmental mechanisms behind the drastic morphological changes that led to complex vertebrate hearts, we examined the developmental patterning of the agnathan lamprey *Lethenteron japonicum*. We isolated lamprey orthologs of genes thought to be essential for heart development in chicken and mouse embryos, including genes responsible for differentiation and proliferation of the myocardium (*LjTbx20*, *LjTbx4/5*, *Ljlsl1/2A*), establishment of left-right heart asymmetry (*LjPitxA*), and partitioning of the heart tube (*LjTbx2/3A*), and studied their expression patterns during lamprey cardiogenesis. We confirmed the presence of the cardiac progenitors expressing *Ljlsl1/2A* in the pharyngeal and splanchnic mesoderm and the heart tube of the lamprey. The presence of *Ljlsl1/2A*-positive cardiac progenitor cells in cardiogenesis may have permitted an increase of myocardial size in vertebrates. We also observed *LjPitxA* expression in the left side of lamprey cardiac mesoderm, suggesting that asymmetric expression of *Pitx* in the heart has been acquired in the vertebrate lineage. Additionally, we observed *LjTbx2/3A* expression in the non-chambered myocardium, supporting the view that acquisition of *Tbx2/3* expression may have allowed primitive tubular hearts to partition, giving rise to multichambered hearts.

【P2-6】 真骨魚類の対鰭に侵入する筋芽細胞の解析

○菊地裕輔、中谷友紀、宗像啓司郎、田中幹子 (東工大・生命理工)

脊椎動物は進化の過程で様々な新奇形質を獲得してきた。特に遊離筋と呼ばれる移動能をもつ筋前駆細胞は、舌下筋や横隔膜、四肢・対鰭筋(胸鰭・腹鰭)といった新奇形質の形成に関与している。

真骨魚類ゼブラフィッシュの対鰭筋のうち、胸鰭の筋肉は、体節から遊離筋が移動・侵入して形成されるが、腹鰭の筋肉形成に遊離筋が関与するかは未だ明らかにされていない。また進化的に古い軟骨魚類トラザメの対鰭筋は、遊離筋ではなく、体節から伸長した筋肉によって形成される。

本研究では、遊離筋が新奇形質を獲得してきたメカニズムの解明を目的とし、対鰭に遊離筋が移動・侵入できるようになった条件の検証を進めている。まずゼブラフィッシュの腹鰭筋が遊離筋由来であるのかを、組織化学染色および遊離筋マーカーである*lhx*遺伝子の発現解析により確認したところ、遊離筋が腹鰭形成に関与していることが示された。現在トランスジェニックゼブラフィッシュを作製し、遊離筋の挙動を生きたまま観察することを試みている。また、サメ胚とゼブラフィッシュ胚を用いて対鰭筋形成に関与する遺伝子の発現解析を行い、遊離筋が対鰭筋を形成できるようになった条件の解明を進めている。

【P2-7】 枝芽の形成位置を設定する側板中胚葉の区画化メカニズムの解析

○植田翔悟、金澤康子、須田夏野、山田亮、田中幹子（東工大・生命理工）

脊椎動物の枝芽は側板中胚葉から生じ、その形成が始まる前では将来枝芽になる領域と肢間部の脇腹になる領域との間で形態上の区別は付かないが、発生に伴い予定枝芽領域と予定肢間（脇腹）領域の位置を区別するメカニズムが働くと考えられる。我々は、この過程に関与する遺伝子の候補として Cux2 遺伝子 (cut homeobox transcription factor / CCAAT displacement protein) に着目した。Cux2 はショウジョウバエの翅原基の背原軸境界設定に関与する cut 遺伝子のホモログであり、ニワトリ胚では肢間領域特異的に発現することが報告されている。本研究では、ニワトリ胚での枝芽形成時における Cux2 の機能を明らかとすることを目的として解析をおこなった。まず、siRNA および全長コンストラクトの導入に伴う形態形成の変化を詳細に観察した。その結果、枝芽領域と肢間（脇腹）領域の境界面の位置の変化、および枝芽形成に関与する遺伝子の発現パターンの変化が観察され、Cux2 が枝芽の位置設定に関与していることが示された。現在は、肢間（脇腹）領域で発現している Cux2 の機能ドメインを明らかにするために、各種変異コンストラクトを作成中であり、これらの結果も合わせて報告したい。

【P2-8】 AP-1 transcriptional factors regulate numbers of apoptotic cells in developing chick limb buds.

○須田夏野¹、白川大介¹、片岡浩介先生²、Cheryll Tickle³、田中幹子⁴（¹東工大・院理、²奈良先・准教授、³パーズ大・教授、⁴東工大・准教授）

We show that multiple AP-1 transcriptional factors regulate cell death and survival in the apoptotic regions of chick limb buds during limb morphogenesis. We analyzed global gene expression profiles of 41 AP-1 transcriptional factors during development of the chick limb bud, and identified 29 genes expressed in the limb apoptotic regions, including the AER and interdigital webs. Ectopic expression of transcriptional activator and repressor forms of several candidate AP-1 genes suggest that they are involved in regulation of numbers of apoptotic cells by either promoting or inhibiting cell cycle progression. Furthermore, both BMP and FGF regulate the expression of AP-1 genes in the apoptotic regions of limb buds. Our results suggest that multiple AP-1 transcriptional factors, regulated by BMP and FGF, control numbers of apoptotic cells by triggering the pathways of cell death or survival during limb morphogenesis.

【P2-9】 脊椎動物における上顎の形態進化 -前上顎領域の形態形成の比較から-

○東山大毅^{1,2}、倉谷滋¹（¹理化学研究所・CDB、²神戸大・院理、）

脊椎動物の顎は基本的に顎骨弓(第1咽頭弓)から発生する。しかしサメやエイなどを除く多くの顎口類の系統で、上顎の前端部は顎前領域の神経堤間葉に由来するとされ、"前上顎領域"と呼ばれる。一方でこの領域特異的に生じるはずの前上顎骨や哺乳類の切歯は、一般に顎骨弓に由来する三叉神経上顎枝の支配を受けるとされている。各脳神経の走行と神経堤細胞の移動経路とは密に一致しているはずだが、この領域では発生と形態の間で矛盾が生じているのだ。

そこで今回我々はソメワケササクレヤモリ、ニワトリやマウスなど複数の系統の動物胚を用い、三叉神経など形態要素のトポロジーに着目して、免疫染色や3Dリコンストラクションなどによる比較発生学的解析を行った。その結果、上顎の形態形成はこれらの動物でも相違があることが分かった。少なくとも双弓類において上顎の前端は顎前領域に由来することが形態的にも示され、哺乳類の頭部形成の特殊性が示唆された。またこれらの結果と、トラザメなど顎骨弓のみから成る顎を持つとされてきた系統の動物とを比較し、脊椎動物における顎や頭部形成の形態進化について考察する。

【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¹、倉谷滋¹（¹理研CDB）

＜背景＞ 進化発生学における長年の未解決問題は、脊椎動物進化において、初期胚と器官形成期などの中期胚のどちらがより保存される傾向にあるのかということである。1860年代のヘッケルの反復説にはじまり、近年の転写産物配列の解析や数理解析予測でも、初期胚の発生プロセスは拘束されており、進化的に保存される傾向にあるという報告が出されている(Funnel-like型モデル)。一方で、発生砂時計モデルは、複雑な発生シグナル相互作用がある、咽頭胚期などの発生中期(ファイロティピック段階)こそが、進化的に保存される傾向にあるとしている。

＜結果と考察＞ 我々は、この問題に答えるため、ニワトリ、マウス、ゼノパス、ゼブラフィッシュにおける初期胚から後期胚までの包括的トランスクリプトームを同定し、その動態を比較することで、互いの発生プログラムの類似性を評価した。我々の解析結果は、基本的には発生砂時計モデルが支持されることを示していたが、解釈には注意を要するものであった。また本結果は、脊椎動物ファイロタイプが原形論的な幻想ではなく、進化発生学的な保存に裏付けられたものであることを示唆していると考えられる。

【P2-11】 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¹、倉谷滋¹（¹理研・CDB・形態進化）

蝶や蛾の翅模様に見られる様々な擬態模様は、巧みなデザインを獲得しているに違いない。また、グラウンドプランの変形の所産でもある。祖先的に獲得した模様要素に、どのようにして機能的な統合構造を実現するのか？今回、形態測定法・ネットワーク分析を用いた定量的な解析と比較形態学的手法を用いて、機能的統合とその進化的な成立過程について明らかにしたので報告する。

材料として、前翅に枯葉模様を呈したアカエグリバ (*Oraesia excavata*) を用いた。結果、枯葉模様は相対的に小さな分散値を示し、また、葉脈をつくる主脈と側脈はモジュール構造を形成し同期して揺らいでいた。これは、変異や攪乱にたいし形を崩しにくくするために、機能的な統合が実現されていることを示唆している。次に、その進化的な創出過程について調べた。結果、祖先的な模様をもつ模様要素間の相互依存関係を2次的に再編してきたことがわかった。再編には、既に存在していた相互関係の解消 (parcellation) に加え、新規の結合 (integration) も見いだされた。比較のために、より簡単な模様をもつ、同じヤガ科に属するムクゲコノハ (*Thyas junio*) についても調べた。*O. excavata* と異なり、*T. junio* では、各模様要素は独立し、相互の依存関係は見られなかった。これは、より祖先的な構造を反映したものであると推察された。これは、*O. excavata* の機能的なモジュール構造は、系統的にヤガ科が生じて以降に成立したことを示唆している。以上より、枯葉模様には機能的なモジュール構造が実現され、それは祖先的に獲得された構造を2次的に改変していた。最後に、捕食者である鳥の視覚認識の仕方が機能的な統合の進化過程に関与する可能性についても議論する。

【P2-12】 脊椎動物頭部中胚葉の進化

○足立礼孝^{1,2}、倉谷滋^{1,2}（¹神戸大・院理、²理研CDB）

頭部中胚葉の進化過程は未だに理解が進んでいない。過去の比較形態学者は“頭部中胚葉は体幹部と似た分節要素から成る”と考えた。この考えの根拠となったのが板鰓類咽頭胚頭部に見られる三対の頭腔である。三対の頭腔は前から順に顎前腔、顎骨腔、舌骨腔と呼ばれており、分節した上皮性中胚葉で外眼筋に分化し神経との形態学的対応関係を示すことから、頭腔と体節は系列相同であり、進化的にはナメクジウオの前方の体節に由来するという仮説が立てられた。この仮説を検証するため、我々はトラザメ胚の組織切片を作製し3Dリコンストラクションにより頭腔の発生過程を詳細に観察し、体節との比較を行った。その結果、顎前腔は脊索と前腸の先端に生じる間葉である索前板から、顎骨腔は前腸の沿軸に裂体腔により生じる間葉からそれぞれ発生する事が観察され、体幹部の沿軸中胚葉から発生する体節とは発生の由来が異なる事が解った。これらの結果から頭腔と体節が系列相同ではない事が示唆された。

【P2-13】 ヌタウナギにおける咽頭弓の発生と脊椎動物の頭部形態の進化

○大石康博^{1,2}、太田欽也²、倉谷滋² (1神戸大・院理 2CDB)

脊椎動物頭部において、顎の多くの要素は第一咽頭弓に由来する。顎の進化の背景を解明するためには、顎が進化する以前の祖先において、第一咽頭弓および周囲の領域がどのような要素から成っていたのか推定する必要がある。この問題を明らかにするために、現生する2種の無顎類であるヌタウナギとヤツメウナギの第一咽頭弓に由来する構成要素を同定し、その要素間の位置関係から、その対応関係を検討した。これまでその成体における頭部形態の大きな相違から、2種の頭部は異なるボディプランに基づいて形成されると考えられてきた。しかし、2種の発生過程における、三叉神経、筋肉および鼻・下垂体原基の位置関係は、2種の頭部が同質の比較可能な構成要素から成り立っていることを示唆する。上記の結果を、ヌタウナギの頭部発生の研究成果を中心に紹介したい。

【P2-14】 副神経の発生と進化

○多田基紀 倉谷滋 (理研CDB・形態進化研究グループ)

現存する脊椎動物は、顎口類と無顎類に分けられる。顎口類の頸部にはcucullaris muscle (哺乳類における胸鎖乳突筋と僧帽筋の相同物)と、それを支配する副神経が存在するが、これらは無顎類にはない、顎口類特異的形質(シナポモルフィ)である。頸部は頭部と体幹の境界であり、双方の性質が混在した複雑な領域となっている。このことから、副神経とcucullaris muscleの起源は脊椎動物の頭部-体幹の境界を理解する上で非常に重要であると考えられるが、副神経とcucullaris muscleはこれまで進化発生学的に研究されてはこなかった。本研究では、マウスにおける副神経の発生過程を調べ、無顎類であるヤツメウナギと比較することで、脊椎動物の頸部の進化を考察した。また、脳神経の運動神経には鰓弓運動神経と体性運動神経があり、これらの細胞体はそれぞれ異なる転写因子セットを発現することが知られている。副神経はどちらの性質を持つかがはっきりしていないことから、逆行性ラベリングを用いて副神経核を同定すると共に、そこで発現する転写因子を同定し、副神経がどのような性質をもつか検証した。

【P2-15】 外来イトヨの新規環境への適応・定着機構

○安達竜也¹、森誠一²、河田雅圭¹、北野潤¹ (1東北大・院・生命 2岐阜経済大・経済)

生物は多様な形態の特徴を獲得している。このような形態の多様性は生物が新規環境に侵入し形態を変化させることを繰り返した結果生まれたと考えられる。そのため新規環境への適応による形態変化の過程を理解できれば、生物の形態の多様性の創出の最初の一步を理解したと言える。

東北地方に位置する十和田湖において1980年前後にイトヨという魚が近くの相坂地区の河川や池から人為的に移植されたことが知られている。十和田湖は相坂地区の河川や池と比べ水域容積が大きく水温や底質、溶存酸素量、栄養塩などの物理・化学的環境、それにとまう生物相が大きく異なる新規環境である。そこで十和田湖と相坂地区のイトヨを比較することでイトヨの新規環境への適応過程を調べることを目的とした。形態計測をおこなったところ、移入直後の1985年前後に巨大化しその後平均的なサイズに落ち着いている、眼径が大きくなり吻長が小さくなるなど食性の変化を示唆する結果が得られた。

本発表ではさらに詳細な頭部形態の変化を見るためにgeometric morphometricによる画像解析の結果と食性の変化を調べるために行った胃の内容物調査の結果を発表する。

【P2-16】 カナヘビ属の頭骨における形態学的多様性と進化

○菊川信人、疋田努 (京大・院理)

東アジア・東南アジアで多様化しているカナヘビ属Takydromusの頭骨について、その形態の多様性を明らかにするとともに、分子系統推定の結果をもとに形態進化を調べた。カナヘビ属15種149個体の頭骨を材料とし、幾何学的形態測定法を用いて、定量的な解析を行った。頭骨背面、腹面、側面にそれぞれに標識点を設定し、形状変数を計算した。その後、全個体の形状変数に対して主成分分析を行い、種間での形状を比較解析した。各面において、それぞれ第一主成分は主に、吻部・頭骨後部の幅、頭骨の高さ、眼窩部の増減などに関与していた。各面において、それぞれの種ごとに特徴的な形態を示し、カナヘビ属の頭骨形態が種間でかなり多様化していることが明らかになった。さらに、先行研究(Ota et al., 2002; Lin et al., 2002)より、既に推定されている分子系統を利用し、分子系統に沿った形態変化を表した。その結果、各面において、ほとんどの系統でまとまった形態空間を占めており、第一主成分が表す形質(吻部・頭骨後部の幅、頭骨の高さ、眼窩部の増減)は、系統的制約を受けていることが示唆された。しかし、T. toyamaiだけが、異なる系統の集団に属し、収斂進化を起していることが示唆された。

【P2-17】 クジラとウミヘビの嗅覚器官とolfactory marker protein(OMP)遺伝子

○岸田拓士¹、Clement Lamy¹、戸田守²、阿形清和¹、疋田努¹ (¹京大・院理、²琉大・熱生研)

ハクジラやヒゲクジラ・胎生ウミヘビなどの2次的な海洋性四足動物は嗅覚受容体遺伝子が大幅に縮退化しており、海洋環境への進出は嗅覚能力の犠牲の上に成り立っていると見える。しかしながら、これら3つの海洋性四足動物グループの嗅覚器官の退化パターンはそれぞれ異なっている。ハクジラは主嗅皮や鋤鼻器が完全に退化しており、脳に嗅球も存在しない。その一方でヒゲクジラは、鋤鼻嗅覚系の機能は失われているが、主嗅皮や嗅球といった主嗅覚系は退化しつつもまだ機能していることを発表者らのグループは最近報告した。今回我々が胎生ウミヘビの嗅覚器官を調べたところ、主嗅皮や主嗅球といった主嗅覚系を完全に喪失している一方で、鋤鼻嗅覚系は陸上性の近縁種と同程度に発達していた。さらに我々は、上記3グループに関して、嗅覚器官に特異的に発現するolfactory marker protein(OMP)遺伝子を調べた。嗅覚器官を完全に失ったハクジラも含めて全ての動物からこの遺伝子は発見されたが、ハクジラ類の一部からは保存的なモチーフを欠くなどの興味深い変異が観察された。

【P2-18】 新規な筋の形成における末梢神経形態のダイナミクス

○中山智生¹、土岐田昌和² (¹筑波大・生物学類 ²筑波大・院生命環境)

脊椎動物が地球上の様々な環境に適応し繁栄するためには、摂食器官形態の多様化が必須であった。しかしながら、摂食器官形態の多様化メカニズムについてはいまだ十分理解されているとは言い難い。本研究では摂食器官の形態進化における器官構成組織間の相互作用の重要性を評価するために、他の鳥類系統がもたないユニークな顎筋を獲得したオカメインコ(オウム目)を対象として、顎筋とその支配神経の発生パターンを詳細に記述し、ウズラ(キジ目)との比較を行った。その結果、ステージ36のオカメインコ胚では、オウム類特有の篩骨下顎筋が下顎内側から眼窩間隔にかけての空間を占める巨大な筋塊としてすでに分化しており、それはウズラ胚では確認することのできない下顎神経の運動線維により支配されていた。一方、同じくオウム類のみがもつ擬咬筋は鳥類で共有される外下顎内転筋から分離する途上にあり、その内部に神経繊維は確認できなかった。以上のことから新規かつ異所的な筋の誘導に神経支配は関与しない可能性が示唆された。現在、他の発生ステージの胚を比較に加え、摂食器官を構成する筋とそれを支配する末梢神経の形態の経時的な変化を解析中である。

【P2-19】 イタチ科動物における後肢形態と水中口コモーション特性との関係

○森健人¹、鈴木聡²、小藪大輔¹、木村順平³、遠藤秀紀⁴ (¹東大・院理、²京大・院理・動物、³ソウル大・獣医・解剖、⁴東大・博物館)

本研究はイタチ科をモデルとし、その後肢形態と水中口コモーション特性との解析から、哺乳類における一般的な形態と口コモーション特性との関係を明確化することを目的とする。チョウセンイタチ *Mustela sibirica*、ニホンイタチ *M. itatsi*、ユーラシアカワウソ *Lutra lutra*、ラッコ *Enhydra lutris*の4種を用いて(1)肉眼的解剖、(2)大腿骨長、脛骨長の計測、(3)膝関節の駆動筋の質重量測定を行い種間で比較を行った。なお、4種はその生態学的データから上記の順に水域への依存度合いが高いと考える。

(1)肉眼的解剖の結果、水域への依存度合いが高い種ほど半腱様筋尾椎頭が大きく尾方へ発達し、対して坐骨頭は衰退する傾向が観察された。(2)大腿骨長、脛骨長の計測の結果、水域への依存度合いが高い種ほど特に頭胴長に対する大腿骨長の割合が減少する傾向が現れた。(3)膝関節の駆動筋の質重量測定の結果、水域への依存度合いが高い種ほど、下腿に位置する膝の屈筋が大きく発達する傾向が見られた。

【P2-20】 食虫目哺乳類(Eulipotyphla)の胎子期における頭骨発生のヘテロクロニーとモジュール性

○小藪大輔¹、Marcelo Sanchez-Villagra²、遠藤秀紀³ (¹東大・院理、²Univ. Zuirch、³東大・総合研究博)

頭部のような高次形態構造は発生学的あるいは進化的にいくつかのサブユニット(e.g., 顔面モジュール、神経頭蓋モジュール、頭蓋底モジュール、etc)に分割可能であることが知られる。これをモジュール性とよび、同一モジュール内のパーツ群の量的形質は連動して発生あるいは進化し、逆に別々のモジュールのパーツは独立して発生あるいは進化することが明らかになっている。

我々は形態学的多様性を生む至近のプロセスの一つであるヘテロクロニーにもモジュール性があるのではないかとの仮説を立て、食虫目哺乳類10種の頭骨をモデルとして検証を行った。頭部を構成する26個の骨が胎子期にどのような順序で発生し、その順序の進化的改変を系統樹上で明らかにした上で、発生順序のヘテロクロニーにモジュール的パターンが認められるかを検討した。

その結果、同一のモジュールに属すと考えられる骨群の発生タイミングは連動して進化的に早期化、あるいは晩期化する一方、別々のモジュールに属すと考えられる骨群の発生タイミングは相互に独立であることが認められた。この結果はヘテロクロニーにはモジュール性による制約があることが示唆するものである。

【P2-21】 腹足類における機能的トレードオフ

○野下浩司¹, 浅見崇比呂², 生形貴男³ (1九大・院シス生, 2信州大・理, 3静大・理)

生物の形態的な多様性は、物理的要因やその分類群に特有の機能的要因により制約を受けている。腹足類ではこうした要因として「防御」、「姿勢の安定性」、「殻の形成効率」の三つがよく挙げられる。こうした仮説を受けて、それぞれ個別に機能パラメータを見積もる定量的な検証もなされているが、競合しうる複数の機能を包括的に評価した形態空間解析は行われていない。そこで本研究では、姿勢の安定性と殻の形成効率の二つの要因から腹足類の形態的多様性への制約をどの程度説明できるかを理論形態学的に明らかにすることを旨とした。結果として、螺塔を低く、臍を小さくしたよりコンパクトな殻ほど姿勢の安定性が良い傾向にあり、逆に、殻の形成効率は螺塔を高く、臍を大きくした重複の少ない殻ほど良い傾向があることがわかった。つまり、姿勢の安定性と殻の形成効率は競合しており、実在の殻形態において機能的トレードオフが起こりうることを示唆された。また、実際に観察された腹足類の殻形態は二つの機能を同時にある程度満たしていることが明らかとなり、特に、陸生の巻貝は海生のものに比べ殻の形成効率について強い制約を受けていることがわかった。

【P2-22】 付加成長殻生物の3D形態測定学

生形貴男 (静岡大・理)

近年、三次元形態測定学の解析諸手法が急速に実用化・普及しつつある。その中で、標識点に依らない閉曲面の境界形態測定学では、球面状のスケール・メッシュを変形して対象曲面に被せ、メッシュの各結節点のデカルト座標を球面スケールにおける余緯度・経度の関数として表し、それら x, y, z 形状関数を周期成分に分解する方法を採用してきた。本講演では、貝殻のように付加成長する骨格の形態を対象に、殻に刻まれる成長線を球面スケールにおける緯度線に対応させる方法を導入する。これによって、従来の方法で議論されてきたスケール・メッシュの被せ方の任意性の問題が克服できるとともに、殻形状の個体発生変化をも含めた包括的な三次元形状の比較が可能となる。具体的には、成長線に沿った各点の相対的な位置を球面スケールにおける経度とし、成長線に対する各成長線の相対的周囲長からその成長線の余緯度を定義する。測定点の三次元座標データから、緯度・経度方向とも等間隔になるよう三次スプライン補間によってスケール・メッシュを設定し、メッシュの各結節点の x, y, z 座標データを求めてその曲面の形状関数とし、球面調和関数変換によって周期成分に分解する。

【P2-23】 ショウジョウバエの翅形態による種分類の可能性を探る

○川名沙羅、小川佳孝、北條優、田村浩一郎 (首都大・院理工)

本研究では独自に開発した翅形態測定プログラムを用い、ショウジョウバエの翅脈のパターンによって種を分類することを試みた。南大沢キャンパス内で採集したショウジョウバエの中から、1種につき20個体以上採集できた16種、合計603個体の翅脈交点間の距離の比と既知のWing Index(Costal-index, C3fringe, 5x-index)を計測し、データベースを構築した。それらのデータの中から種同定に有用な13の変数を選び、マハラノビスの距離による判別分析を行い、種の判別が可能かどうか検証をした。その結果、データベース構築に使用した603個体を用いた場合、601個体は外部形態による種の同定と翅脈のパターンを用いた種の同定の結果が一致した。また、データベース構築に使用していない192個体を用いて判別を行った場合、181個体が正しく判別された。従って少なくともこの16種については、翅形態による種の分類の十分な可能性が示唆された。

【P2-24】 進化する遺伝情報の自己複製システムの構築

○市橋 伯一¹、松浦 友亮^{1,2}、四方 哲也^{1,3,4} (1ERATO・JST, 2阪大・院工, 3阪大・院情報, 4阪大・院生命)

本研究の目的は、分子進化を実験室内で起こしその過程を観察することにより、進化に対する理解を深めることである。実験室内進化のさきがけとして、1967年Spiegelmanらのグループにより、試験管内でのRNA進化が報告されている。この実験では、ファージに由来するRNA複製酵素と鋳型RNAを混合することにより、鋳型RNAが自己触媒的に複製した。そしてその複製時のエラーにより、より複製されやすいRNA、すなわち徐々に短くなったRNAが進化することが見出されている。本研究ではこの実験系を発展させ、RNA複製酵素自身が鋳型RNAから翻訳され、その翻訳された複製酵素により元のRNAが複製する自己複製系を構築した。これによりRNAはただ複製されるだけでなく、自身にコードした複製酵素遺伝子をも進化させることが可能となり、より生物に近い進化が起こることが期待される。しかし、反応系が複雑になったことにより、この系が進化するためには、区画構造と区画あたり少数のRNAという別の条件が必要になった。本発表ではこれらの条件を満たす実験系の構築と、この自己複製反応を継代させた現状を発表したい。

【P2-25】 哺乳類特異的形質をもたらしたSINE の検索とその機能解析

○小林 直樹¹、 西原 秀典¹、 岡田 典弘¹ (1東工大・院生命)

我々は有羊膜類ゲノム中に存在するSINEの一種、AmnSINE1を発見し、その一部が哺乳類種間で高度に保存されていることを見出した(Nishihara et al., 2006)。これらは哺乳類共通祖先で挿入がおこったと考えられるが、一般にSINEがこれほど長い間、高度に保存されることはない。よってAmnSINE1が哺乳類共通祖先で何らかの機能を獲得した可能性が示唆される。またその内の二つが前脳発生に関与する遺伝子のエンハンサーである可能性を示した(Sasaki et al., 2008)。本研究ではAmnSINE1が哺乳類進化に及ぼした影響と機構の解明を目指し、機能を持つAmnSINE1領域の検索とその機能解析をおこなった。結果、興味深い領域を複数得た。その一つAS3_9遺伝子座は上顎隆起においてマーカー遺伝子の発現が観察された。近傍に存在するWnt5aの発現パターンと類似することから、Wnt5aの上顎隆起での発現を調節している可能性がある。更に部分欠失コンストラクトによる解析からAS3_9遺伝子座には上顎隆起での遺伝子発現調節に関わる複数のエレメントが含まれることが示唆された。

【P2-26】 ツメガエルのトランスポゾンT2-MITEファミリーを動かす転移酵素群の進化

○彦坂暁、河原明 (広島大・院総合科学)

T2-MITEはツメガエルにおいて多くのサブファミリーに分化し大量に増幅しているMITE型トランスポゾンで、ツメガエルのゲノム進化に大きな影響を与えてきた。我々はT2-MITEの網羅的な探索と分類を行い、T2-MITEは数千万年以上もツメガエルゲノム中で存続してきたこと、いくつかのサブファミリーは今も転移活性を保持しているらしいことを示した(彦坂ら,2010)。T2-MITEがいかにしてこのような長期間「生きのびる」ことができたのかは興味深い謎である。一方、最近報告されたツメガエルゲノム解析(Hellstenら,2010)により、T2-MITEが新しいDNA型トランスポゾンファミリーKolobokの転移酵素により転移する可能性が示唆された。そこで我々はツメガエルKolobok転移酵素群の進化を解析した。その結果、Kolobokも遺伝子重複と分化を繰り返しつつ数千万年以上の間ツメガエルのゲノム内で存続してきたこと、少なくとも30の転移酵素遺伝子ORFが保存されており、そのうちいくつかはツメガエルにとって有用な機能を果たすように進化し、ツメガエルと共生してきたことが示唆された。

【P2-27】 ヒト特異的Cytochrome P450 (CYP)偽遺伝子の分子進化

○川嶋彩夏、颯田葉子 (総研大・先導研)

チトクロームP450 (CYP)は生体内外の様々な化学物質の代謝に関与する酵素として知られている。この酵素は、細菌から植物、ヒトまでほぼ全ての生物が有しており、生体内で代謝される多様な化学物質に対応するため、その基質特異性には高度の多様性が必要となる。この多様性には、生物種による生息環境や食性の違いなど、種特異性が大きく関わっていると予想される。

ヒトCYP遺伝子では、4遺伝子がマウスゲノムとの比較によりヒト特異的に偽遺伝子化していることが先行研究から明らかとなっていた。しかし、他の霊長類との比較なしには「ヒト特異的である」とは特定できない。そこで本研究では、これら4遺伝子が「ヒト特異的に偽遺伝子化」したのか、あるいは他の霊長類ゲノムでも偽遺伝子化しているのかを、ヒトと近縁な霊長類ゲノム塩基配列データとの比較により検証することを目的とした。その結果、ヒトでのみ偽遺伝子化していたのは4遺伝子のうち1つだけであった。また、解析した情報をもとにこの遺伝子の偽遺伝子化の時期を推定したところ、260万年前、つまりアウストラロピテクス・ガルの出現頃に機能を失ったことが示唆された。

【P2-28】 ヒトの化学物質に対する防御システム構築過程の解明 –霊長類CYP2Dサブファミリーの分子進化–

○安河内彦輝¹、颯田葉子² (1総研大・先導研、2総研大・教授)

チトクロームP450 (CYP) は、薬物や化学物質などの基質代謝に関与している。ヒトのCYP2Dサブファミリーは、CYP2D6と2D7、2D8の3遺伝子で構成され、CYP2D6は薬物の約20%の代謝に関与し、その代謝効率に個人差があることから、薬物動態学で多く研究されてきた。しかし、今日まで霊長類CYP2D遺伝子の分子進化過程については明らかにされてこなかった。そこで、この進化過程を解明するため、ヒトを含む霊長類6種13のCYP2D遺伝子を同定した。ウィンドウ解析から、各CYP2D遺伝子間で高頻度に遺伝子変換が示された。その一方で、代謝機能に重要な「基質認識部位 (SRS)」のみのアミノ酸配列を比較した結果、遺伝子変換はCYP2D7と2D8間で頻繁に生じていたが、CYP2D6とそれらの間では低頻度であった。塩基配列からのアミノ酸翻訳の推定から、ほとんどの霊長類CYP2D7と2D8は偽遺伝子化していた。したがって、SRSにおけるCYP2D6とその他偽遺伝子間の低頻度な遺伝子変換は、CYP2D6の代謝機能を維持するために、SRSにおいては負の自然選択が働いたことが原因の1つと考えられる。

【P2-29】 精子形成と神経突起生成に関与するVCX/VCY遺伝子ファミリーは霊長類において急速に進化した。

岩瀬峰代¹、金慧琳²、颯田葉子^{1,3}、高畑尚之⁴（¹総研大・学融合推進センター、²ペンシルベニア州立大、³総研大・先導研、⁴総研大）

VCX/YファミリーはヒトとチンパンジーX染色体およびY染色体上に位置し、精巣で特異的に発現し、精子形成時のリボソームの凝集に関与していることが知られている。

さらに、最近VCX遺伝子ファミリーの一つVCX-Aが、神経細胞の神経突起の分化と樹枝状状に関わるターゲットm-RNAのサブセットの安定性と転写を調整する能力を持つことが明らかになった。この遺伝子はRGG-boxを持っていることから、RNAと結合することによって機能する可能性が指摘されている。

そこで、私たちは現在データベースに登録されている哺乳類ゲノムを用いて、VCX遺伝子ファミリーのホモログを検出し、遺伝子創生と機能獲得のプロセスを解明することを目的として、分子進化学的解析を行った。

その結果、この遺伝子は新世界ザルが分岐する前に上流（エクソン1～イントロン2）とRNAバイディングサイトであるRGG-boxが存在する下流（エクソン3）が融合したことがわかった。さらに、下流には、各霊長類に特異的な10アミノ酸リピートの配列を持っていることが明らかになった。

このような観察事実を踏まえて、本学会ではVCX配列の進化と機能獲得について議論する。

【P2-30】 X-family DNAポリメラーゼの新たな分類、および分化の考察

○小寺啓文、武内亮¹、内山幸伸¹、美和秀胤²、菅原二三男¹、坂口謙吾¹（¹東理大・院理工 ²Dep.of BES Univ.of Helsinki）

DNAポリメラーゼはDNA合成酵素であり、 $pol\beta$ や $pol\lambda$ 、 $pol\mu$ 、TdTが属するX-familyは、主にDNA修復系に関与している。X-family DNAポリメラーゼ(PolX)は、進化系統樹上において、真正細菌から哺乳類に至るまで様々な生物が有しているが、高等生物はPolXとして $Pol\beta$ 、 $Pol\lambda$ 、 $Pol\mu$ 、TdTを、一方で、細菌は $Pol\lambda$ のみを有するというように、生物種によって有する種類、数にばらつきがある。そこで、我々はPolXの分化の過程を探るため、ゲノムプロジェクト等による公開データを利用し、X-familyの祖先型は $Pol\lambda$ 型であり、生物の進化に伴い $Pol\beta$ 、 $Pol\mu$ 、TdTへ分化した可能性を見出した。PolXの進化という観点からみると、今まで各生物において個別に調べられてきた各PolXについて、分化の過程及びアミノ酸配列の比較から現在の分類に矛盾が生じてきた。そこで、本研究では様々な生物が有するPolXを新たに分類し直し、新たなPolXの分化、分類を提案する。

【P2-31】 ホタル発光パターンとnos遺伝子の発現

○大槻朝¹、横山潤²、大場信義³、近江谷克裕⁴、河田雅圭¹（¹東北大・生命科学、²山形大・理、³大場蛍研究所、⁴北大・医）

ホタルの発光は個体間コミュニケーションや警告シグナルなどに必要であるとされる重要な形質である。種間または種内には異なる発光パターンが存在し、その違いが配偶行動において交配前隔離に働くと考えられている。ホタル発光の明滅制御に一酸化窒素（NO）が関係すると示されていることから、NO合成酵素（NOS）が発光パターンの違いをもたらすことが予想される。そこで発光周期に種内変異が存在するゲンジボタルを用い、明滅がNOSにより制御されるのかを確かめるため、Real-Time PCRによるnos発現量の測定を行った。ゲンジボタル成虫の発光器でのnos発現量は集団間の異なる発光周期に対応したものでなく、活発に明滅を行う時間でも特に増加は見られなかった。しかし、同じゲンジボタルでも明滅でなく連続的な弱い光を発する幼虫では発光器での発現量が非常に大きいことがわかった。また、発光器でnos発現があることはゲンジボタル以外で明滅する種、しない種でも確認された。したがって、ホタル発光においてnos発現量が大きいことが周期的な明滅を生み出すということはできず、むしろ連続的な発光につながる可能性が示唆される。

【P2-32】 棘皮動物ニッポンウミシダのHoxクラスター構造の解析

○近藤真理子¹、鶴ヶ谷柊子¹、住吉範子¹、生田哲朗²、大田竜也³、池尾一穂⁴、西駕秀俊²、赤坂甲治¹（¹東大・院理・臨海、²首都大・院理工・生命科学、³総研大・先端科学、⁴遺伝研・遺伝情報分析）
Hox遺伝子は動物の前後軸の領域化を支配する遺伝子であり、これまでに解析されてきた多くの動物では染色体上のある領域にクラスターを形成して並んで存在することが知られている。このクラスターの中での遺伝子の並び方は遺伝子の発現時期と発現域と相関していて、いわゆるcolinearityがあるとされている。近年、ウニのゲノム解析などから、ウニのHoxクラスター構造はHox遺伝子の転移や逆位によって、脊椎動物などで保存されているものと大きく異なっていることが判明した。また、他の動物で知られているすべてのHox遺伝子が見つかるわけではない。このようなHox遺伝子のクラスター構造がウニあるいは棘皮動物の特殊な体制を生じさせたと考えられるが、このようなHoxクラスターの「再編」が進化的にどの時点で生じたのか、棘皮動物全体に共通しているのかなどは明らかではない。そこで我々はウニと同じく棘皮動物で、系統的には初期に分岐したウミユリ綱のゲノム構造を解析する必要があると考え、ニッポンウミシダのHox遺伝子を単離し、ゲノム構造の解析を行っている。解析の現状を報告し、棘皮動物のHoxクラスターの進化について考察する。

【P2-33】 マイクロアレイを用いたショウジョウバエ嗅覚・味覚受容体遺伝子群の進化的研究

○工藤絵里¹、中村茉央¹、小倉淳²、近藤み¹（¹お茶大・院・人間文化創成科学研究科、²お茶大・アカデミックプロダクション）
昆虫にとって、匂いや味は、宿主選択、採餌、繁殖等において不可欠な情報であり、その受容と認知は種の生息環境への適応進化と強く関わっていると考えられる。嗅覚受容体（Or）遺伝子と味覚受容体（Gr）遺伝子は超多重遺伝子族を形成しているが、ショウジョウバエでは哺乳類等に比べてその数が比較的少ない上に、それぞれの配列の違いが大きいため、種間でのオーソログの同定が比較的容易である。ショウジョウバエ種間における、Or/Gr受容体の種類（レパートリー）の違いと、その違いが生じた進化過程を明らかにすることを目的として、ゲノム情報のあるショウジョウバエ8種で予測される全てのOr・Gr遺伝子について、カスタムオリゴDNAマイクロアレイを用いた発現解析と、オーソログ・パラログ遺伝子の分子進化的解析を行った。その結果をもとに、ショウジョウバエの嗅覚・味覚受容体遺伝子群の進化について議論する。

【P2-34】 遺伝子重複により生じたショウジョウバエの匂い物質結合蛋白質OBP57dおよびOBP57eの機能分化

○中川淳、原田枝里子、相垣敏郎、松尾隆嗣（首都大・院理工）
遺伝子重複とそれに続く機能分化は、多重遺伝子ファミリーの形成過程において重要な役割を持つと考えられている。しかしながら、重複遺伝子の進化過程で実際にどれだけの機能分化が生じているのかについて、*in vitro*あるいは*in vivo*で実験的に検証された例は限られている。動物の化学感覚受容に関わる遺伝子群はゲノム中で大きなファミリーを形成する傾向があり、ショウジョウバエの匂い物質結合蛋白質（OBP）をコードする遺伝子はゲノム中に約60個存在している。このうちOBP57dとOBP57eはキイロショウジョウバエ種群の進化過程で遺伝子重複により生じたもので、近縁種間の配列比較からは機能分化していることが示唆されている。しかしながらこれまでのところ、突然変異体を用いた行動解析において顕著な機能の違いは見つかっていない。そこで本研究では、大腸菌により合成したOBPをもちいて*in vitro*結合試験を行い、とくにリガンド特異性に注目して機能分化の実態を明らかにすることを試みる。

【P2-35】 硬骨魚類特異的ゲノム重複に伴うOMP遺伝子の重複と機能分化

○鈴木彦有¹、二階堂雅人¹、山岸公子²、岡田典弘¹（¹東工大・院生命理工、²都臨床研）
Olfactory Marker Protein(OMP)は脊椎動物の成熟した嗅神経細胞に特異的に発現しているタンパク質である。これまで多くの脊椎動物において、OMPは単一の遺伝子であると考えられてきたが、我々は硬骨魚類5種のゲノムデータからOMPのパラログが新たにもう一つ存在することを発見した。系統解析の結果、二つのOMPは硬骨魚類の共通祖先において重複により生じた可能性が示唆され、それとともにパラログ間でOMP遺伝子座近傍領域のシンテニーにも相同性が見られたことから、この重複が硬骨魚類特異的なゲノム重複に伴うものであることが推測された。次に我々は二つのOMPの機能的な違いについて調べるため、ゼブラフィッシュの成魚を用いて*in situ*ハイブリダイゼーション等による発現解析を行った。その結果、新しく発見されたパラログは嗅上皮の嗅神経細胞と網膜の水平細胞に発現していることが明らかになった。なお、既知のものは嗅神経細胞特異的な発現であり、他の組織では発現していない。これらの結果から、硬骨魚類ではゲノム重複に伴ってOMPが重複した後、進化の過程で発現パターンを分化させ、片方は視覚における新たな機能を獲得したと考えられた。

【P2-36】 タンガニカ湖産シクリッド・トロフェイニ族のV1R1遺伝子における正の淘汰

○大田朋規¹、二階堂雅人¹、山岸公子²、岡田典弘¹ (1東工大・院生命理工、²東京都臨床医学研究所)

水中に生息する魚類では、水溶性の化学物質を用いた嗅覚コミュニケーションが、生活のさまざまな場面で重要な働きをしている。このことから、爆発的な種分化を起こしたシクリッドにおいても、嗅覚がその進化の過程で何らかの役割を果たしてきた可能性がある。そこで、本研究では、生殖フェロモンを受容していると予想されているV1R型嗅覚受容体に着目し、特にトロフェイニ族のV1R1遺伝子について調べた。その結果、トロフェイニ族のV1R1遺伝子で、アミノ酸配列が互いに11残基異なる2タイプのアリル型が存在し、これらのアリル型はトロフェイニ族の種の系統関係を反映せず、モザイク状に分布することが分かった。さらに、選択圧解析により、V1R1遺伝子がトロフェイニ族の祖先集団で正の淘汰 ($\omega > 1$) を受けたことが統計的に強く示された。これらの2タイプのアリル型は異なるリガンドを受容すると期待されることから、トロフェイニ族シクリッドにおけるV1R1を介した選択的交配の存在の可能性を含めて本発表において考察する。

【P2-37】 東アフリカ産シクリッドにおけるV1R6嗅覚受容体遺伝子の多型状態の解析

○齋藤曜平¹、二階堂雅人¹、大田朋規¹、山岸公子²、岡田典弘¹ (1東工大・院生命理工学研究科、²東京都臨床医学研究所)

魚類の嗅覚器官は水溶性の化学物質を受容しており、視覚と並び嗅覚もそのコミュニケーションにおいて重要な役割を担っていると考えられている。我々は東アフリカ産シクリッドを題材として、大きく4種類に分類される嗅覚受容体ファミリーの中で、特にレパートリーが小さく進化的に保存されているV1R型遺伝子について研究を行っている。V1Rは魚類において6コピーあり、その中のV1R2は二つのアリルが組換えを起こさずに多型状態のまま集団中に長期間保持されてきたということがこれまでの研究で明らかにされている。本研究ではV1R6に着目し、東アフリカ産シクリッドにおいて配列比較を行った。その結果、ヴィクトリア湖産シクリッド1種16個体あたり約15種類ものアリルが存在し、種間でも多くのアリルが共有され保持されていることが分かった。このヴィクトリア湖におけるV1R6の多様性は、大きく配列の異なる二つのアリルが組換えを繰り返すことで獲得されたという可能性が示唆された。これは極めて組換え頻度の低いV1R2の進化とは対照的であり、さらにV1R6の種内レベルでの大きな多様性が嗅覚を介した個体レベルでのコミュニケーションに関与している可能性を示す興味深い結果である。

【P2-38】 シクリッド集団中における長期間の多型維持とその後の分断選択

○二階堂雅人¹、平田直¹、齋藤曜平¹、相原光人¹、溝入真治¹、Semvua I. Mzighani^{1, 2}、山岸公子³、岡田典弘¹ (1東工大・院生命、²タンザニア水産研究所、³都臨床研)

生物の適応進化は、集団中に多型状態で存在する変異(standing variation)、もしくは新たに生じた変異(new mutation)のどちらかが選択を受けて起こると考えられ、それぞれの実例がいくつかの研究によって示されてきた。しかし、進化のモデル生物として広く知られるシクリッドの爆発的な適応放散がどちらの影響をより強く受けた結果なのかについては、現在も明らかにされていない。我々は嗅覚受容体遺伝子V1R2において、非常に古くに起源を持つ2種類のアリル型が種の系統関係を反映せず、東アフリカ三大湖それぞれに分布していることを発見した。また集団遺伝解析によるとV1R2に平衡選択の働いた可能性は低く、むしろ分断選択が働いた可能性を示唆した。つまり、東アフリカの各三大湖に生息するシクリッドの祖先集団中には大規模な遺伝的変異が多型状態で維持されていて、それらがその後の適応放散の際に選択を受け集団に固定していったと予想できる。祖先集団中における遺伝子やQTL上の大規模な多型維持とその後の選択がシクリッドのダイナミックかつ急速な適応放散の原動力として働いた可能性を考察する。

【P2-39】 チンパンジー亜種間における苦味受容体遺伝子配列の比較解析

○早川卓志¹、菅原亨¹、郷康広¹、鶴殿俊史²、平井啓久¹、今井啓雄¹ (1京大・豊長研、²チンパンジー・サンクチュアリ・宇土)

ヒト (*Homo sapiens*) とニシチンパンジー (*Pan troglodytes verus*) において、苦味受容体遺伝子群TAS2Rsの種間分化や種内または亜種内多様性の程度が全体的に高いことが判明しており、苦味感覚に対する選択圧の緩和が示唆されている。しかし一部のTAS2Rにはある種の自然選択が働いているとする推測もヒトで報告されている。今回我々は、ニシチンパンジーと地理的に隔離されたヒガシチンパンジー (*P. t. schweinfurthii*) 8個体の配列上機能している28種全てのTAS2Rsの塩基配列を新規に決定し、46個体のニシチンパンジーの配列データと比較することで、チンパンジーにおけるTAS2Rsの進化動態の推測を試みた。その結果、亜種内多様性や亜種間分化は全体的に非コーディング領域と同程度のもので、苦味感覚の選択圧の緩和を推測させる結果となった。また、亜種間での分化の程度が他の変異サイトに比して逸脱したサイトが少なからずあり、一部のTAS2Rが自然選択の効果を受けている可能性が示唆された。ヒトで見られるTAS2Rsの進化的現象はチンパンジーでも類似していると推測される。

【P2-40】 孵化酵素と卵膜の分子共進化：Fundulusとメダカ間における種特異的な卵膜分解

○川口眞理^{1,2}・安増茂樹³・西田睦¹ (1東大・大気海洋研、²学振PD、³上智大・理工・物質生命)

酵素と基質の分子共進化を孵化酵素と卵膜という系を用いて分析した。正真骨類の孵化酵素は2種類の酵素HCEとLCEより成る。Fundulusとメダカの孵化酵素HCEには種特異性がなく、どちらの種の卵膜も分解するが、LCEは種特異的な卵膜分解を示し、他種の卵膜を分解しない。その種特異性をもたらす原因部位を特定した。卵膜側は、LCEの切断点近傍の1つのアミノ酸残基の変異が種特異性に関与する。変異リコンビナント孵化酵素作成実験の結果、酵素側は3ヶ所のアミノ酸残基の変異が種特異性に関与することがわかった。種々の正真骨類の孵化酵素と卵膜のアミノ酸配列を調べることにより、進化過程でこれらの部位がどのように変異し、その結果どのように酵素の特異性が変化したのかを推定した。Fundulusは孵化酵素・卵膜ともに祖先型の配列を維持していた。一方、メダカでは孵化酵素・卵膜ともに変異していた。Fundulusの孵化酵素は変異した卵膜、すなわちメダカの卵膜を分解できなくなったと考えられる。一方メダカでは、孵化酵素が卵膜に先立って変異し、その基質特異性が広くなり、その後生じた基質の変異に対応できたと考えられる。

【P2-41】 染色体水平移動-植物病原糸状菌の進化と分化の分子機構-

○赤木靖典¹、柘植尚志²、児玉基一郎¹ (1鳥大・農、²名大院・生農)

トマトアルターナリア茎枯病菌 (*Alternaria alternata* tomato pathotype) は宿主特異的AAL毒素を生産し、特定のトマト品種に対してのみ病気を引き起こす。本菌は非病原性*A. alternata*には見出されない付加的で余分な小型染色体 (CD染色体) を保持しており、これら染色体上にはAAL毒素合成遺伝子クラスターが座乗する。本CD染色体は茎枯病菌における病原性染色体であるとみなされる。本染色体は、世界各地で分離した由来の異なる茎枯病菌株間でサイズが同一であり、解析した座乗遺伝子配列も菌株間で全て一致した。一方、他の染色体上の遺伝子配列は菌株間で多型を示し、これら菌株の遺伝的バックグラウンドは異なることが明らかとなった。また、茎枯病菌と他の*A. alternata*菌株の細胞融合実験において得られたハイブリッド株は、茎枯病菌由来のCD染色体を付加的に保持しており、毒素生産能と病原性を備えていた。以上の結果より、茎枯病菌の病原性進化と分化において、病原性染色体の水平移動が関与しているとする“染色体水平移動説”を新たに提唱した。

【P2-42】 アカショウジョウバエの Neo-X、Neo-Y 染色体における DNA の分子進化

○里村和浩、田村浩一郎 (首都大・院理工)

相同染色体間で組換えが起こらないと、遺伝的多様性の減少、進化速度の上昇、有害変異の蓄積などが生じると考えられている。しかし、組換えが遺伝的変異に及ぼす影響は、未だ十分に検証されていない。

アカショウジョウバエは、X、Y染色体がそれぞれ同一の常染色体と結合して生じたNeo-X及びNeo-Y染色体を持つ。ショウジョウバエの雄は一般的に組換えを起こさないことから、Neo-Y染色体では組換えが起こらないと考えられる。Neo-XとNeo-Y染色体は常染色体由来の数多くの遺伝子を共有するため、それらの遺伝子についてDNA変異を比較すれば、組換えと変異の関係を直接調べることができる。

本研究では、アカショウジョウバエのNeo-X及びNeo-Y染色体の遺伝的多様性を、性染色体が結合していない近縁種テングショウジョウバエの常染色体と比較した。アカショウジョウバエのNeo-X、Neo-Y染色体及び常染色体に位置する遺伝子を複数同定し、アカショウジョウバエ及びテングショウジョウバエそれぞれ88系統を用いて種内及び種間比較をすることで、組換えと変異の関係の実験的検証を試みた。

【P2-43】 カメ目における性染色体連鎖遺伝子群の同定と性染色体の進化過程の推定

○川越大輝^{1,2}、西田千鶴子³、松田洋一¹ (1名大・院生命農学、²北大・院生命科学、³北大・理)

遺伝的性決定様式をもつカメ類では、XY型とZW型の性染色体が混在している。演者らはこれまでに、スッポン (*Pelodiscus sinensis*) のZ連鎖遺伝子の染色体マッピングによって、スッポンのZW性染色体の起源が他の羊膜類 (哺乳類、鳥類、ヘビ類) の性染色体とは異なることを明らかにした。しかし、カメ類のXY型性染色体の起源とその分化過程はまだ不明である。本研究では、カメ類のXY染色体の起源とその進化過程を明らかにする目的で、ホオジロクロガメ (*Siebenrockiella crassicolis*) を用いて、スッポンの染色体特異的DNAプローブを用いた染色体ペインティングと性連鎖遺伝子のFISHマッピングを行った。その結果、ホオジロクロガメのXY染色体は、スッポンの5番染色体プローブでペイントされ、ニワトリ5番染色体と高い相同性をもつことが判明した。次に、13個のニワトリ5番染色体連鎖遺伝子のホオジロクロガメホモログをクローニングし、マッピングした結果、全ての遺伝子がX染色体とY染色体にマッピングされ遺伝子オーダーも同じであった。これらの結果から、ホオジロクロガメのXY染色体はまだ分化の初期段階にあり、その起源はスッポンの性染色体とは異なり、カメ目内における性染色体の起源が多様であることが示された。

【P2-44】 cDNAマッピングとGC3含量にもとづくヘビゲノムにおけるモザイク構造の推定

○松原和純¹、工樂樹洋²、樽井寛³、西村理³、西田千鶴子⁴、阿形清和⁵、松田洋一⁶、熊澤慶伯¹ (1名市大・院システム自然科学、²Dep. Biol., Univ. Konstanz、³理研・CDB、⁴北大・院理、⁵京大・院理、⁶名大・院生命農学)

哺乳類と鳥類のゲノムは、300kb以上の長さのGC-richな領域とAT-richな領域からなるモザイク構造をもつ。ニワトリ(2n = 78)では、全ゲノム塩基配列が解読されたことで、マイクロ染色体はマクロ染色体に比べて有意にGC含量が高いことが明らかとなった。爬虫類と鳥類の核型に共通な特徴の一つにマイクロ染色体の存在があげられるが、これまでに爬虫類でゲノムのモザイク構造について解析された例は少ない。我々の先行研究において、スッポン(2n = 66)のゲノムでもマクロ染色体に比べてマイクロ染色体のGC含量は有意に高い可能性が示唆された。本研究では、鳥類、カメ目に比べてマイクロ染色体の数が少ない核型をもつヘビ亜目について解析を行った。FISH法を用いて183のcDNAクローンからなるシマヘビ(2n = 36)の染色体地図を作製し、各cDNAについてコドンの3塩基目のGC使用頻度(GC3)を調べることによって、各cDNAのGC含量と染色体上の位置の関係について考察した。その結果、シマヘビにおいてもマイクロ染色体のGC含量はマクロ染色体より有意に高いことが示唆された。

【P2-45】 演題取り消し

【P2-46】 フグにおける形態多様化の遺伝的背景：種間交配を利用したゲノムワイド連鎖解析

甲斐渉^{1, 2}、細谷将¹、○菊池潔^{1, 3}、黒柳美和^{1, 3}、合田知樹¹、野澤碧¹、末武弘章⁴、鈴木謙¹ (1東大・水実、²水研セ・養殖研、³BRAIN、⁴福井県大・海洋生物)

進化的に興味深い表現型はいわゆる「非モデル生物」に多く認められるが、その遺伝的背景の探求は困難であった。しかし、近年のゲノム解析技術の発達により、非モデル生物の表現型変異を司る遺伝子が解析可能となりつつある。魚類種間の多様性をもたらした遺伝子は何にか？多様性創出の背景に一般的な規則が見いだせるのか？これらを問う研究材料として、我々はゲノム概要が公開されているトラフグとその近縁種に着目した。フグ属魚類では、体サイズ、脊椎骨数、うろこの形状、体色パターンなどの形態形質が多様化しているが、種間交配が可能である。これら多様化の原因遺伝子座を同定するため、まず、全ゲノム配列の86%をマップした高密度連鎖地図を作製した。次に、表現型が大きく異なる種間の交雑第二世代をゲノムワイド連鎖解析に付して、変異原因遺伝子座のゲノム上の位置を調べた。その結果、各表現型に大きな効果を持つ遺伝子座の数は一つないし二つであり、顕著なエピスタシスは認められなかった。従って、各形質の変異は遺伝子ネットワークの比較的単純な改変によってもたらされていると考えられる。現在、原因遺伝子本体の同定を目指した実験を進めている。

【P2-47】 キイロショウジョウバエにおける新規高温耐性QTL領域の発見：ゲノムワイド欠失マッピングによるアプローチ

○高橋一男¹、岡田泰和²、寺村皓平² (1岡山大・異分野融合コア、2岡山大・院環境)

キイロショウジョウバエは、変温動物の温度適応研究のモデル系として、数々の研究がなされてきた。熱ショックタンパク質遺伝子は、その多型と熱耐性の関係、熱ストレス下での発現解析などにより、温度適応に重要な寄与をしていることが示されてきた。その一方で、QTL解析や、マイクロアレイによって、高温耐性QTLや熱ストレスによって誘導される遺伝子の探索が行われて来た。本研究では、欠失マッピングによる新しいアプローチで、新規の高温耐性QTLを発見することを目的に、ゲノムワイドスクリーニングを行った。DrosDelプロジェクトによって作成された、均一の遺伝的背景を持ち、欠失領域の特定された、約450系統の欠失系統を用いて実験を行った。23°Cと28°C条件下における、卵から成虫までの生存率を比較することで、熱ストレス感受性を評価した。その結果、第二染色体と第三染色体上に、19個の高温耐性QTLが同定された。これらの内、16個のQTL領域は、既知の高温耐性QTL領域に含まれていたが、その他の3つのQTL領域は、これまでに報告されていない、新規の高温耐性QTL領域であった。

【P2-48】 ショウジョウバエゲノム配列データを用いたheterotachyの検証

○小川佳孝、田村浩一郎（首都大・院理工）

分子進化の過程で塩基やアミノ酸の置換速度は変動し、置換速度の速い系統や遅い系統が生じることがある。この置換速度の変動が遺伝子間で異なると、遺伝子によって置換速度の速い系統や遅い系統が異なる場合が生じる。このような状態はheterotachyと呼ばれている。これまでの研究から、通常分子系統樹推定法はheterotachyによってその精度が損なわれることが明らかになっている。本研究では、現実の遺伝子配列データにおけるheterotachyの程度を明らかにするために、Drosophila属12種の6698遺伝子について分子系統樹を推定し、それらを比較した。その結果、4004遺伝子において統計的に有意なheterotachyが検出された。そこで、heterotachyが生じる分子進化的要因を明らかにするために遺伝子オンロジーとの関連を調べたところ、細胞接着や生殖、発生、刺激応答に関わる遺伝子でheterotachyが生じている場合が多く、逆に、代謝に関わる遺伝子では少なかったことが分かった。また同義コドンの使用頻度を調べた結果、使用頻度の偏りがDrosophila属においてheterotachyの生じる一因であることが示唆された。

【P2-49】 真核生物のタンパク質コード遺伝子における高度保存塩基配列の解析

○鈴木留美子^{1,2}、斎藤成也^{1,2}（¹遺伝研、²総研大）

コドンの同義座位は翻訳効率や正確性のために淘汰上の制約が生じることが知られている。またエクソンに内在する制御配列やRNA二次構造などによって塩基置換が局所的に抑えられる場合もあるが、従来、同義置換については翻訳効率や正確性の面から論じられることが多かった。

真核生物全体について、同義置換に淘汰上の制約がかかっているパターンを解析するために、われわれは哺乳類6種、硬骨魚類4種、ショウジョウバエ6種、エレガンス線虫4種、酵母4種、双子葉植物3種、単子葉植物4種について、各生物群の順系相同遺伝子の塩基配列を比較し、変異のない9塩基以上の配列を抽出した。配列の出現数は哺乳類、硬骨魚類ショウジョウバエで期待値より有意に多く、また酵母と単子葉植物以外では、配列が長くなるにつれて最頻コドン（あるアミノ酸に対して最も使用頻度が高いコドン）の割合が下がる傾向が見られた。保存部位は、各系統内のオーソログだけでなくパラログや系統間のオーソログでも共通しているものが存在した。これらの保存配列に対してGene Ontology、RNA二次構造、非翻訳RNAとの関連を解析し、機能の推測を行なったので報告する。

【P2-50】 左右相称動物間で進化的に保存されたmiRNAとその標的遺伝子の予測と実験的検証

○高根香織^{1,2}、藤島皓介¹、渡邊由香^{1,2}、佐藤朝子¹、斎藤信登^{1,2}、富田勝^{1,2}、金井昭夫^{1,2}（¹慶大・先端生命研²、慶大院・政策メディア、先端生命）

MicroRNA（miRNA）は標的となる遺伝子の3'非翻訳領域に結合し、その翻訳を制御することが知られている。近年の研究からmiRNA配列は進化的に保存されてきたことが明らかとなってきたが、これらのmiRNAに共通する標的遺伝子を網羅的に解析した例はない。そこで本研究では進化的に保存されているmiRNA-標的遺伝子ペアを同定することを目的とし、ヒトから線虫に至る5種の左右相称動物から、相同性が75%以上ある5種類のmiRNAを決定した。さらにオーソログ情報を用いて、4種以上の生物において保存性が確認された31種のmiRNA-標的遺伝子ペアを抽出することができた。このうち、miR-1-CNN3ペアは筋肉、miR-124-GFPT2ペアは神経など、ある程度分化した細胞において特異的なペアが存在することが明らかとなった。更に6種のペアに関してレポーター遺伝子を用いた実験的検証を行い、全ペアにおいてmiRNAによる標的遺伝子のダウンレギュレーションが確認された。これらの結果から、左右相称動物の祖先生物が有していたと考えられるmiRNAの機能と、その意義に関して議論したい。

【P2-51】 新規情報学的手法を用いたインフルエンザAウイルスゲノムの進化方向の予測

○岩崎裕貴¹、阿部貴志¹、伊藤正恵¹、和田健之介¹、池村淑道¹（¹長浜バイオ大学）

RNAを遺伝子に持つインフルエンザAウイルスは、自身のRNAポリメラーゼを用いて複製を行うため、高頻度にゲノム配列の変異を引き起こす。その結果として宿主免疫からの逃避を可能にし、特定部位のアミノ酸変異により薬剤耐性を獲得してきた。インフルエンザによる被害を最小限に抑えるためには、インフルエンザAウイルスゲノムの進化の方向性を把握し、どのような遺伝子配列変化を起こすかを予測することが重要となる。将来的に人の中でパンデミックを引き起こす可能性のある鳥や豚インフルエンザ株の予測も重要である。高精度の予測を行うためには、可能な限り多くの株を対象にした大規模解析が望ましい。

本研究では、データベースに登録されている全インフルエンザAウイルスを対象に一括学習型自己組織化マップ(BLSOM)解析を行った。BLSOMは強力な可視化機能を備えており、大量かつ複雑な情報から能率的に知識発見が行える。解析の結果、宿主ごとに使用頻度が異なる連続塩基やコドンの検出に成功した。興味深いことに、新型H1N1ウイルスは現時点では季節性の株の特徴を十分には獲得しておらず、今後の進化の方向性の予測が可能になった。

【P2-52】 動物のミトコンドリアDNAにおける転位と転換の比率

○佐藤允治¹、繪幡愛子²、北野 誉² (¹茨大・院理工、²茨大・工)

塩基置換は、プリン同士またはピリミジン同士の間で起こる転位とプリン・ピリミジン間で起こる転換に分類され、多くのDNA領域では転位のほうが転換よりも頻繁に起こっていることが知られている。しかしながら、一部の無脊椎動物においては、ヒトと比べて転位/転換の比率はそれほど高くないという知見もある。そこで今回我々は、DNAデータベースに登録されている動物のミトコンドリアDNAのゲノム配列を用いて、同属別種間の175ペアの比較解析を行った。その結果、転位/転換の比率の平均は、哺乳類と鳥類ではそれぞれ11.65と9.05と比較的高い値を示したのに対し、それ以外の分類群では、2.57~5.50と比較的低い値を示した。さらに詳しく調査するために、霊長類、齧歯類、カメ類、無尾類、フグ類、ヒトデ類、ハエ類、線虫類などの主だった分類群 (p-distanceがそれぞれ0.0001~0.5の範囲に収まるもの) を用い、転位と転換の相関をみたところ、無脊椎動物では直線状の相関がみられたが、脊椎動物では転位のほうがより多く起こっているため、曲線状の相関がみられた。これらの結果は、脊椎動物と無脊椎動物との間で、ミトコンドリアDNAの塩基置換パターンに大きな差異があることを示唆している。

【P2-53】 細菌ゲノムにおける水平伝播したオペロンの検出

○野口恵¹、森宙史¹、丸山史人¹、黒川顕¹ (¹東工大・院生命理工)

細菌にとって遺伝子の水平伝播は、新たな機能を獲得し環境へ適応していく上で重要な役割を担っている。細菌では多くの場合、ある1つの機能に関わる遺伝子群は転写の制御単位であるオペロンを形成している。そのため、オペロンを構成する遺伝子の一部のみの伝播では機能の獲得は困難であり、構成遺伝子全てが伝播することで機能を獲得でき、環境への適応に繋がると考えられる。そこで、オペロン全体に起こった水平伝播の検出を行った。

まず、既存のデータベース (MBGD、KEGG) からオーソログ遺伝子情報を取得し、複数のゲノム中で近接しているオーソログ遺伝子群をオペロンとした。次に、伝播が起こった構成遺伝子の候補を検出するために、各構成遺伝子の配列アライメントから進化距離を計算し、これらを種の進化系統を示すと考えられる16S rRNAの進化距離と比較することで、近縁種が持つ遺伝子から進化的に遠い遺伝子を検出した。そして、検出した伝播候補の遺伝子で構成されるオペロンを、水平伝播により獲得されたオペロンと決定した。

本手法を用い、呼吸酵素複合体 I をコードするnuoオペロンがどのような細菌種間で伝播しているのか調べた。

【P2-54】 2回のゲノム重複によって生じたパラログスなゲノム領域の同定

○松波雅俊^{1・2}、斎藤成也^{1・2} (¹総研大・遺伝学、²遺伝研・集団遺伝)

脊椎動物の祖先で起こった2回のゲノム重複は、脊椎動物の成立に大きな影響を与えた。その痕跡は各々の遺伝子の系統樹と保存されている遺伝子のゲノム上の並び順 (シンテニー) に見られる。このようなシンテニー領域は2回のゲノム重複によって生じた重複遺伝子 (オーノログ) とその制御領域を含んでおり、脊椎動物進化を通じて高度に保存されている。したがって、何らかの重要な役割を担っていると考えられるが、その詳細は不明である。そこで我々は、このような領域を同定し、その進化における影響を明らかにしようと試みた。

まず、オーノログを同定するために、脊椎動物19種の計422,895アミノ酸配列を用いて、相同検索によるクラスタリングと系統樹作成を行った。得られた系統樹から相対的な遺伝子重複の時期を推定し、オーノログを選別した。ヒト・マウス・ラット・イヌ・ウシ・オポッサム・ニワトリの7種の生物についてこれらの遺伝子を染色体上にマップし、896組のオーソログスなゲノム領域と256組のパラログスなゲノム領域を同定した。これらの領域は遺伝子発現制御に関連する機能を持つ遺伝子を多く含んでおり、その進化における重要性が示唆された。

【P2-55】 遺伝子重複による蛋白質間相互作用ネットワークの進化

○長谷武志^{1,2}、田中博²、新村芳人² (1理研PSC・特別研究員、²東京医科歯科大・生命情報学)

蛋白質間相互作用ネットワーク (protein-protein interaction network; PIN) では、蛋白質をノード、蛋白質間相互作用をリンクで表す。PINは非同類結合性 (リンク数の差が大きい2ノード間のリンクが多い構造) およびモジュール性を示す場合がある。これらの構造は進化的に選択されているという主張もあるが、これらの構造を生成する進化メカニズムは分かっていない。そこで、我々は、遺伝子重複に基づくネットワーク成長モデルを用いたシミュレーションを行った。その結果、非同類結合性を持つ (持たない) ネットワークはリンク数の少ない (多い) ノードを優先的に重複することにより自然に生成され、これらのネットワークの全てがモジュール性を示した。さらに、真核生物55種のプロテオームおよび真核生物5種のPINを比較したところ、リンク数の少ない (多い) ノードが頻繁に遺伝子重複されている種のPINは非同類結合性を示す (示さない) ことが判った。また、これら5種のPIN全てにおいてモジュール性が確認された。以上の結果から、PINの非同類結合性およびモジュール性は遺伝子重複により自然に生成されるものであり、自然選択によるものではないことが示唆された。

【P2-56】 隠蔽変異を介した表現型多様性創出における選択圧の影響：遺伝子制御ネットワークの個体ベースモデル

○岩寄航、津田真樹、河田雅圭 (東北大・院生命)

生物集団が新しい環境に遭遇すると、通常生息している環境で観察されるよりも大きな表現型分散が現れる場合がある。このことから、集団内には通常環境において表現型に現れない隠蔽変異が存在しており、それらは環境変動などを通じて顕在化し、表現型の多様性を生み出すことで進化に寄与すると考えられる。本研究では、遺伝子制御ネットワークと環境の相互作用が隠蔽変異の重要な担い手であると考え、個体ベースモデルによるシミュレーションを行うことでその検証を試みた。

まず、本モデルにおいても隠蔽変異と環境変化による表現型多様性の創出が起こることが確認された。次に、強い安定化選択の下で進化させた集団では通常環境における表現型多様性が小さくなる一方で隠蔽変異は保持され、一生涯のうちに複数の異なる選択を経験するような環境で進化させた集団では隠蔽変異が減少することが分かった。これらのことから、生息環境の異質性と選択圧の強さという2つの外部要因は、ともに集団内に維持される遺伝的変異を減少させる制約として働く一方で、表現型多様性の創出という観点では異なる影響を与えるということが示唆された。

【P2-57】 プランクトンの逆理への進化的解答

○水野晃子¹、佐々木顕² (総研大・学融合、総研大・学融合)

均一な環境での植物プランクトンの高い多様性は、「プランクトンの逆理」として古くから生態学者の興味を惹き付けてきたテーマである。Tilman(1982)は、複数の同じ資源を巡って競争している種の間、「ある資源に関してはある種が強いが、他の資源に関しては別の種が強い」、というような優劣の関係があれば共存できるというアイデアによって、このパラドクスを解くことが出来るとした。

しかし、このような植物プランクトンの異なる競争能力は、どうやって進化的に生じてきたのか?という問いには答え出していない。Adaptive dynamicsモデルの研究によると、2種類の必須資源をめぐって競争する生物は、両方の資源をバランスよく利用するタイプ」のみが進化するということが明らかになっている(Schreiber and Tobiason 2003)。我々は、先行研究とは異なる資源要求性を想定することで、資源供給の条件は同一であっても複数のパッチがあれば、それぞれのパッチで異なるタイプが進化するという結果を得た。この結果は、「プランクトンの逆理」を起源から説明出来るという点で意義がある。

【P2-58】 転写因子結合部位の塩基配列から予測する発現量変化

○佐藤光彦、牧野能士、大野ゆかり、岩寄航、河田雅圭（東北大・院生命）

近年、様々な生物でゲノム情報が得られるようになり、ゲノム配列を比較することで表現型の進化の原因となった領域の特定が試みられてきた。また、ゲノム関連解析などによって、個体間のゲノム配列の違いと表現型の違いの関係の推定が行われている。これらの解析では、1塩基の違いは効果が小さく、多数の塩基の違いによって表現型が異なると仮定している。しかし、この仮定が成立しないことも多く、塩基配列や変異がどのように表現型に影響するのかを正確に予測する手法の開発が求められている。最近の研究では、塩基配列多型と転写因子などの結合パターンの違いとの間に関連がみられ、さらに結合パターンと遺伝子発現多型との間の相関が示されている。これらの関係をもとに、シス領域の塩基配列から転写因子とヌクレオソームの結合部位への親和性、それらの濃度という内因性の情報から標的遺伝子のタンパク質発現レベルを量的に予測する転写因子結合モデルが提唱されている。本研究では、シス領域配列における転写因子の結合モデルを組み入れた個体ベース進化モデルを用いて、発現量の進化とシス領域配列の進化の関係を探ることを目的として解析を行った。

【P2-59】 エピスタシス効果が遺伝子発現ネットワークにおけるモジュールの進化を促す

○池本有助¹、三浦徹²、浅間一³（¹富山大学、²北海道大学、³東京大学）

近年、遺伝子発現ネットワークの多くがモジュール構造を有しているという知見が蓄積しつつある。このモジュール構造は、連鎖不平衡を生じさせる要因の一つと考えられるが、モジュール構造がどのように進化するのかについては未解明な部分が多く、遺伝子型と表現型変異の関係や、エピスタシス効果の適応度への影響も考慮に入れる必要があると考えられる。そこで今回、表現型の頻度依存的に適応度が変化する環境下で選択をうける個体ベースモデルを構築して進化シミュレーションを行い、遺伝子発現ネットワーク構造の進化過程とエピスタシス効果の影響について解析を行った。その結果、遺伝子発現ネットワークは、適応度を上昇させるエピスタシスが働く遺伝子間ではリンクが密になり、それとは対照的に、エピスタシス効果によって適応度が変化しない遺伝子間では疎になるように進化的に進化することが確認された。これは、エピスタシスが適応度に与える影響の有無が、遺伝子発現ネットワークのモジュール進化に寄与していることを示唆する。また、シミュレーションの過程で表現型変異の異方性も確認された。本発表では、これらの結果をもとに、エピスタシス効果、表現型分散、及び遺伝子ネットワークの進化の関係について考察を行う。

【P2-60】 サブネットの進化と選択

○大澤智興（九工大・院情・生命情報）

細胞内の複雑ネットワークの構成要素である、3ノードで構成されるサブネット構造に対して離散力学モデルを構築し、それらの出現頻度、進化の方向性や選択のメカニズムについて調べた[1]。サブネットに対する入力として、ランダムから周期的を用いて、各ノードから相互情報量を入出力相関の強度として求めた。相互情報量はサブネット構造に強く依存した。特に分岐構造を内在するサブネットワークにおいて、大きい相互情報量が得られた。これらの結果は、遺伝子重複がネットワークの進化において重要であることと一貫性がある。統計的に有意に出現頻度が大きいサブネットは、ランダムな入力に対して、大きな相互情報量を示すことが多かった。これは細胞内の分子数は、アボガド口数に比べると極めて少数であるため、ゆらぎの大きい環境下において大きい相関強度を維持できる構造が有利であることを示している。

[1] C. Oosawa, IEICE Tech. Rep. NLP2009-25 pp61-66 (2009)

【P2-61】 二重格子空間上の相利共生の進化動態

○江副日出夫¹、池川雄亮¹（¹大阪府大・院理）

異種個体間の協力関係である相利共生の出現と維持の機構は、進化理論上の重要な問題のひとつである。いくつかの理論的研究は、空間構造が相利共生を促す可能性を示唆している。私たちは、それぞれ異種の潜在的共生者が生息する二次元正方格子を二枚重ねた理論モデルを用いて、条件的共生関係にある二種の間の相利共生の進化を解析した。各格子点の状態は、1個体によって占められているか空かのいずれかで、共生は2枚の格子空間の対応する格子点の間でのみ生じるとする。各々の種には、自分がコストを払って共生個体に利益を与える協力者と、コストを払わず利益を与えない非協力者という二型が存在する。各個体は自分がいる格子点の近傍の空き格子点にしか増殖できず、また共生者の垂直伝達はないとする。計算機実験の結果、大抵の場合は共生形質に関する種内変異は安定ではなく、相利共生（両種とも協力者のみ）または非相利共生（両種とも非協力者のみ）のどちらかの状態が進化した。しかし、パラメータの値によっては、片方の種で相利共生者が、もう片方の種で非相利共生者が固定し、前者を後者が一方的に搾取するという一見奇妙な状態がしばしば出現した。

【P2-62】 投資の制約が母親の性配分戦略に与える影響

川津一隆（京大院・農・昆虫生態）

最適投資理論によると、親の投資が子の適応度に影響を与えるならば子あたりの最適投資量がただ一つ存在し、適応度曲線に性差がある場合にはコストの高い方の性により多くの投資を行うことが予測される。その場合には頻度依存選択が働くため、安価な性に偏った一次性比が適応的（均等投資の法則）な性配分戦略となる。しかしながら、遺伝的性決定を行っている多くの生物では、性の産み分けができないため一次性比の操作は難しい。このような場合、母親はどのような投資を行うのが適応的なのだろうか。

従来の研究では、親は子を産む際に資源を自由に投資することができるという状況を扱ってきた。そこで本講演では、投資の制約を考慮することでモデルと実証研究の「ズレ」を解決することを試みる。具体的には、投資イベントを性の産み分けと投資時の性の判別、という二つに分け、それぞれが可能・不可能な場合の4パターンにおける最適投資量を簡単なESSモデルを作成することで調べた。その結果、投資に制約がない場合には投資性比は1:1になるが、制約があると均等投資の法則が崩れる場合もあることが明らかとなった。

【P2-63】 野生の雌グッピーが産む子の数・性比と子の形質の関係～調査時期による揺らぎ

○佐藤綾¹、狩野賢司¹（¹東京学芸大学 連合学校教育）

投資配分理論は、適応的な子が期待できるとき、雌は数多くの子を産むことを予測している。また、性配分理論は、娘よりも息子の高い繁殖成功が期待できるとき、雌は子の性比を息子に偏らせることで適応度を向上させようと予測している。本研究では、沖縄県野生化個体群の雌グッピーが産んだ子の数や性比と、子の適応度成分の関係を調査し、数が多い子ほど適応的か、雄偏りの子ほど息子の性的魅力が高いのかを調査し、理論に従う雌の産子調節の有無を検証した。2008年の調査では、数が多い子ほど成長率が高く、また、雄偏りの子ほど、息子は大きな体サイズや目立つ橙スポットといった性淘汰に有利な形質を示しており、予測通りの結果が得られた。しかし、2009年に同様の調査を行った結果、子の数と成長率の間に有意な相関は見られなかった。また、性比が雄に偏った子ほど、息子の橙スポットが小さいという前年とは逆転した結果が得られた。本発表では、これらの結果に可能な解釈をあたえ、雌の性比調節の進化的な背景について考察する。

【P2-64】 大集団志向と協力の進化

○田村光平¹、中川雄大²、井原泰雄¹（¹東大・院理、²東大・理・生物）

非血縁個体による大規模な協力的行動はヒトの特性として挙げられることも多い。このような協力的行動を説明するための理論研究に、集団間の闘争を考え、協力者の数が多いほどその闘争で有利だとするものがある。しかし、こうした研究では集団のサイズが均一であることを仮定しており、小集団と大集団が混在する状況を扱ってはいない。もし、大集団中の非協力者が増加していくスピードが速ければ、協力が維持されやすい小集団のほうがグループ間闘争でも有利になるような状況も考えられる。そこで本研究では、小集団での協力から大集団での協力への移行が起こる条件について、数理モデルを用いて議論する。

【P2-65】 環境の厳しさが協力行動を進化させる？

○成相有紀子¹、守田智¹、泰中啓一²、吉村仁²（¹静大・院工、²静大・創造院）

これまでの進化生物学的研究では、協同行動や協力行動は限定的な条件下では進化できるが、一般には進化しにくいことが分かってきた。ところが、多様な人間社会の中では、極端に協力行動（利他行動）が発達した社会も多数存在する。とくに、生存環境が厳しい社会で協力行動の発達が多くみられる。つまり、厳しい環境下では協力行動をしなければ、個々の属する個体群自体の存続が危うくなり、それを回避するために協力行動をとるのではないかと考えられる。そこで本研究では、環境の良し悪し（ここでは環境値と呼ぶ）によって社会（個体群）の存続可能性が変化すると仮定し、利他行動の進化モデルを作成した。このモデルの解析では、個体の適応度を見ると、環境が穏やかな場合には利己行動が最適になるが、環境が厳しい場合には利他行動が最適になった。この結果は、環境の厳しさは利他行動を進化させることを示唆している。

【P2-66】 生態系の融合時に絶滅を起こしやすい生態系の性質について

○吉田勝彦¹、時田恵一郎²（¹国立環境研・生物、²大阪大・サイバー）

大陸移動などの影響で、独立に進化した生態系が融合するイベントは過去の地球の歴史の中で何度も起こったが、その際に生物の移動方向や絶滅の規模などに非対称性が生じる場合があることが知られている(Vermeij 1991)。その非対称性の原因について、片方の生態系が“弱い”状態に進化していた、という仮説があるが、化石記録から当時の生態系の構造を明らかにすることが困難なため、この仮説はこれまでほとんど検証がなされてこなかった。そこで本研究では“弱い”生態系はどのような性質を持つのかを明らかにするため、Yoshida (2008)の食物網モデルを利用し、同等の条件下で長期間独立に進化した二つの生態系を融合させるコンピュータシミュレーションを行い、融合後の絶滅率に非対称性が生じた組み合わせについて、絶滅率が低かった生態系と高かった生態系の特徴を比較した。その結果、融合時に絶滅率が高かった生態系には、食物連鎖長が短い、捕食性動物と植物の多様性が低い、草食動物が多いがそれらが捕食されていない、多くの草食動物が少数の植物種を共有している、などの特徴が見られた。

【P2-67】 蚊の免疫抑制による薬剤抵抗性の進化とマラリア感染抑制の評価モデル

○大野ゆかり¹、後藤彰²、倉田祥一郎²、河田雅圭¹（¹東北大・生命科学、²東北大・薬）

薬剤により病原体を除去しようとする、病原体に薬剤耐性が生じることがしばしばある。このような薬剤耐性は、病原体の除去だけでなく、病原体拡大抑制の大きな障害になる。マラリアでは、感染した人に薬剤を投与して治療することで、マラリア原虫に薬剤耐性が進化している。また、殺虫剤による蚊の駆除も行われているが、蚊に殺虫剤の抵抗性が進化すると、マラリア感染抑制の大きな障害になる。

今回の研究では、薬剤抵抗性が生まれにくい免疫抑制剤を蚊に与えた場合の、マラリア感染抑制の効果について評価するモデルを構築する。蚊はマラリアに感染しても死亡率は低いが、薬剤により免疫を抑制されると、マラリア感染による死亡率が非常に高くなると考えられている。そのような場合、免疫を抑制された蚊とともにマラリア原虫も死亡するが、マラリア原虫自体には薬剤耐性が進化しない。また、蚊においても、マラリアや他の病原体に感染しないと薬剤の効果が出ないため、抵抗性が進化しにくい。このような免疫抑制剤を用いた場合と、殺虫剤を用いた場合を比較し、抵抗性の進化とマラリア感染抑制の効果を調べる。

【P2-68】 周期ゼミの新種 *Magicicada neotredecim* の起源における遺伝子浸透仮説の検証

○梅村芳隆¹、成相有紀子¹、守田智¹、泰中啓一²、吉村仁²（¹静大・院工、²静大・創造院）

周期ゼミには、13年周期ではあるが17年ゼミの形質を持つグループが以前から報告されていた。このグループは、2000年に周期ゼミの新種 (*Magicicada neotredecim*) として記載された。この新種は、遺伝子解析などにより17年周期のグループに起源を持つことが推定されており、発生周期が17年から13年に短縮したと考えられている。この周期の短縮進化のメカニズムとして、13年ゼミの *M. tredecim* との交雑による遺伝子浸透仮説がある。本研究では、17年周期のゼミに少数の13年周期個体を交雑させるモデルを構築、シミュレーションによって遺伝子浸透が起こりうるかを検証する。もし遺伝子浸透が起こるのならば、交雑の繰り返しにより、17年周期の個体群は13年周期へと周期が短縮するはずである。このとき、この交雑個体群の周期以外の遺伝的形質は、17年周期の祖先とほぼ同じ形質をもつはずである。シミュレーション結果では、交雑個体群は、個体数の減少の問題もみられたが、最終的には17年周期から13年周期への移行が見られた。以上の結果から、遺伝子浸透仮説がメカニズムとして成り立つことが立証された。

【P2-69】 ハマカンゾウ、キスゲ間に存在する隔離要因に関する理論的研究

○松本知高¹、安元暁子²、新田梢²、廣田俊¹、矢原徹一²、舘田英典² (1九大・シス生、2九大・院理)

ハマカンゾウ (*Hemerocallis fulva*) とキスゲ (*H. citrina*) は、二次的接触が起こっている中で、複数の隔離要因によって種間の分化を維持している事が示唆されている植物種である。本研究では、この2種間での遺伝子流動をモデル化し、分化の維持に重要な働きを持っている要因を推定した。モデル中では、隔離要因として「開花時間の違い」、「送粉者の違い」、「地理的距離」の3つを考慮し、植物には開花時刻、閉花時刻、誘引形質を決定する遺伝子座が1つずつあるとした。これらの隔離要因に加え、雑種の適応度、各送粉者の数や比、遺伝子座の並びや組み換え率が分化の維持にどのように寄与するかをシミュレーションにより解析した。その結果、開花している時間の重なりが短い場合に、雑種適応度がある値以下であれば分化の維持が可能になり、この2つの要因の重要性が示唆された。しかし、雑種の適応度がこの境界値よりも大きくてもキスゲが送粉者の違い等によってホモ接合体を作り易い状況であれば、分化を維持出来る事も分かった。実際のハマカンゾウ、キスゲ集団も後者の条件を満たす事で分化を維持している事が示唆された。

【P2-70】 植物形態の不連続な進化；葉と葉の角度の決まり方を数理モデルから考える

○北沢美帆、藤本仰一 (阪大・院理)

葉序、つまり葉などの植物器官の配置は、茎頂分裂組織(地上部の成長点)で決まり、開度(連続する2葉の投影角度)で特徴づけられる。180°と137°前後の開度が多くの種で見られる一方、時には近縁種が大きく異なる開度を持った葉序を示す。植物全体で安定な開度は少数であり、進化の過程で不連続に切り替わると考えられる。形態形成のどんな特性がこれらを実現するのだろうか。茎頂分裂組織では、植物ホルモンの一種であるオーキシンの濃度ピークから葉原基が分化する。このとき、オーキシン輸送担体の性質から原基間にはある種の反発的相互作用が生じる。本研究では、反発的相互作用をポテンシャルと反応拡散という2つの方法で数理モデル化した。双方のモデルで共通して、1) 180°、137°という開度はパラメータの広い範囲で安定であり、2) パラメータが閾値を超えると異なる開度へと不連続に切り替わった。また、シロイヌナズナの開度の成長過程と種内での可塑性をも定量的に説明した。重要なパラメータは茎の太さに対する成長速度と原基間の反発的相互作用の範囲であることがわかり、これらを制御する分子との対応付けを通じて形態進化を議論する。

【P2-71】 二足歩行の目的を「蹴るため」としての人類史考察

○佐久間昌巳 (会社役員)

人類がなぜ二足歩行しているかについて数々の仮説があげられているが、立つことにより可能になる「蹴り」に関しては未だ検討されていない。本研究では「猿は蹴るために立った」とし、それと人類進化の整合性について考察した。蹴り力は基本的に腰を支点としたモーメントにより発生する。人間の重心がその場所にあることは、我々の体構造がモーメント軸として効率の良いものであることを示唆している。最大モーメント力は軸長と、いかに荷重を端に寄せるかで決まる。このような視点で見ると、人類の長い脚と巨大な脳は明らかに、蹴る目的に合致している。さらに首が軸を伸ばすために長くなったとすると、喉頭下降が強制的に行われたことになり、言語発声器官の前適応(咽頭伸長)、ならびに、初期人類が、なぜ、脳より二足歩行を優先させたかの問題が解決する。考察では骨盤、肋骨、盲腸(消失)、大腸、踵骨、甲、陰茎骨(消失)、鼻骨が蹴り能力の増大のために淘汰されたとして、新たな解釈を試みる。他に、現生類人猿、初期人類における蹴りモーメント力の比較、蹴りによる取得可能食物の推察、言葉の発生プロセスの検討を行った。

ジュニア進化学、高校生ポスター発表

高校生ポスター発表: HP

【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）

緑茶には、ポリフェノール的一种であるカテキンという物質が含まれている。カテキンには、抗菌作用があり、食中毒予防や虫歯予防に効果があると言われている。我々は、緑茶にそのような作用が本当にあるのかということに疑問を抱き、本研究を着想した。

我々は、次の点について研究を行っている。

- (1) 緑茶の持つ抗菌作用について、細菌類や菌類の生存率にどのような影響をもたらすか。緑茶の品種、濃度、加工の仕方等の違いによって、その作用に違いがあるのか。
- (2) その他、身近な物質で抗菌作用を示す物質の探索を行う。

我々は、この研究で得られた知見を発信し、身近な物質の抗菌作用と健康保持について訴えていくことを目指している。今回は、この研究の立ち上げから現在までの進捗状況の報告を行う。

【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）

私たちは、いろいろな光合成をする微生物について、BTB溶液の色の変化により見かけの光合成速度の正負を調べることを目的に研究を行っている。昨年度研究に用いた微生物は、(1)ミドリムシ、(2)通常のみドリゾウリムシ、(3)共生藻のいないみドリゾウリムシ、(4)緑藻類、(5)イシクラゲ(ネンジュモ)の5種類である。また、比較のためオオカナダダモでも実験を行った。方法は、試料を入れた2本の試験管にBTBを少量加え、息(二酸化炭素)を吹き込み酸性にし、1本をアルミ箔で包み暗条件とし、蛍光灯で光照射をして経過を観察した。(5)は、他の微生物同様の条件にするため、細胞糸をバラバラにしようとしたが寒天状の細胞間物質の存在によりうまくいかず、細胞塊をそのまま用いた。培養や洗浄液には、BTBで緑色を示す市販のミネラルウォーターを用いた。その結果、光合成をしない(3)を除くすべての試料で、見かけの光合成速度が明条件では正に、暗条件では負になることが確かめられた。この結果は、ミトコンドリアを持たない原核生物である(5)も好気呼吸をすることを示している。そこで、石灰水を用いて追加実験をしたところ、暗条件で二酸化炭素を排出することが確認された。

【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、門脇伸修（清真学園高等学校）

私達、清真学園高等学校は、SSH海外研修としてエクアドル・ガラパゴス諸島へ行ってきました。進化の実験室ガラパゴスで見た動植物についてレポートします。

1. イサベラ島、フラミンゴラグーン、シエラ・ネグロ火山の鳥達（フィンチ、キイロムシクイ、ベニタイランチョウ、マネシツグミ）、ティントレーラ岩礁 ウミイグアナの繁殖活動、ゾウガメ繁殖センター
2. サンタ・クルス島、ダーウィン研究所のロンサムジョージ固有種 スカレシアの植樹
3. サウス・ブラサ島 ハイブリッドはいるか？リクイグアナのサンクチュアリ、満開のウチワサボテン
4. ノース・セイモア島、グンカンドリ、アオアシカツオドリ、ガラパゴスアシカ ウチワサボテンは木になっているのか

【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）

ヒナシドジョウは2006年に新種として記載されたばかりの、河川にすむ小型のドジョウである。これまで生息が確認されているのは愛媛県と高知県のみであり、その生態は全く不明である。本研究では、本種の生態を明らかにし、その進化のプロセスを知るための第一歩として、ドジョウ、シマドジョウ、イシドジョウ、ヒナシドジョウを材料に、全長、体高、体幅、各ひれの長さなど15カ所の外部形態の比較し、それぞれが好む底質を調べる水槽実験を行った。

研究の結果、ヒナシドジョウは同属のシマドジョウよりもドジョウに近い形をしていること、他のドジョウ類に明瞭な形態の性差が見られないこと、他種以上胃に礫（直径約20mm）のすき間に潜ることを好むこと等が明らかになった。模様がよく似ている上、ほぼ同じ大きさ、同所で同時に採集された同属のシマドジョウとは、様々な点で異なっていた。外部形態に見られたそれぞれの種の特徴は、それぞれの生活様式に適応したものであると考えられた。

【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）

イントロンの出現と進化については、原始的な生命が既にイントロンを持っていたとする前生説と、進化の過程で後に獲得したとする後生説があるが、どちらが正しいのかは分かっておらず、イントロンがいつから存在したのよう進化してきたかは未だに結論が出ていない。そこで私はKEGGとNCBIの最新のデータに基づき、約100種間で保存されているtriose-phosphate isomerase(TPI)遺伝子におけるイントロンの位置を比較することで、イントロンの獲得と消失を考察することにした。具体的には、各生物種のTPI酵素のアミノ酸配列をKEGGデータベースから取得し、ClustalWを用いてアライメントする。また各遺伝子の塩基配列をNCBIから取得し、CDS情報を元にイントロンの位置をひとつずつマッピングして一覧表にして比較する。最初に、Logsdon (PNAS 1995)らがイントロン位置を比較している25種の生物について、本手法を用いて再検証し、結果に相違点がないことを確認した。次に2010年6月の時点でKEGGのTPIエントリー (EC 5.3.1.1) に登録されている最新のデータを基に、生物種を大幅に拡張し約100種の生物のTPI遺伝子のイントロン位置を一覧表にして比較した。本ポスターではその結果を報告し、イントロンの進化について議論する。

【HP-6】 ブラシナゾ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、赤石譲二、西塚 真、山田大地（青森県立名久井農業高等学校）

(1) 目的 植物ホルモン「ブラシノステロイド」生成阻害剤Brz（ブラシナゾール）が長日植物に及ぼす影響とBrzを使った開花促進技術を探る。

(2) 方法 Brz 50ppmを散布したクリサンセマム、ペチュニアの生育状況を調査する。

(3) 結果 Brzを散布すると葉色が濃くなり、草丈の伸長は抑制される。またクリサンセマムは開花が約4日早まった。ペチュニアの開花には変化は見られなかった。

(4) 意義 Brzが植物の光感受性を高めたため、葉が濃くなりわい化したと思われる。開花促進効果は植物で差がある。生物の多様性だと思われる。今後、光を照射せずに長日植物の開花促進する技術となる可能性がある。

【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）

(1) 目的 赤色光がストックの生育に及ぼす影響と切花生産技術としての可能性を探る。

(2) 方法 太陽光に加えて赤色強光（200ppfd）及び日赤色弱光（20ppfd）を照射すると、茎の伸長、開花日、葉の形態等がどのように変化するのか調査する。

(3) 結果 赤色強光を照射すると草丈の伸長が抑制される。赤色弱光を照射すると伸長が促進される。また赤色光を照射すると光量の違いによらず開花が促進される。

(4) 意義 赤色光の光量を変えることで、ストックの伸長を制御できる。これは光量によってストックに与える影響が変化するからだと想像できる。今後、切花の生育促進につながる技術になるとと思われる。

【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、赤石譲二、西塚真、山田大地（青森県立名久井農業高等学校）

（1）目的 植物ホルモン「ブラシノステロイド」生成阻害剤Brz（ブラシナゾール）がコマツナの硝酸イオン濃度に及ぼす影響とBrzを使った硝酸イオン濃度の低減技術を探る。

（2）方法 窒素成分を標準、2倍、3倍と施した区とそれぞれにBrz50ppmを散布した区を設定し、重量・硝酸イオン濃度・糖度等を分析する。

（3）結果 Brzを散布すると草丈の伸長は抑制された。硝酸イオン濃度は施肥量が多いほど高いが、Brzを散布すると低くなった。糖度は施肥量が多いほど低いが、Brzを散布するとやや高くなった。

（4）意義 Brzがコマツナの光感受性を高めたため草丈の伸長が抑制された。また光合成も盛んになり糖が多く合成され、硝酸イオン濃度を低減させたと思われる。今後、葉菜類の硝酸イオン濃度低減技術に役立つ可能性があると思われる。

【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）

（1）目的 光がレタスの生育及びポリフェノール総量に及ぼす影響と光を効果的に利用した栽培法を探る。

（2）方法 太陽光、太陽光と赤色光、太陽光と青色光下で栽培する他、太陽光と赤色光で栽培したレタスを収穫前に青色光に移し、レタスの生育及びポリフェノール総量等を分析する。

（3）結果 赤色光では生長が早いですがポリフェノール量は増えない。青色光では生長が遅いがポリフェノール総量は増える。また赤色光で育てた後に青色光に移し12日間栽培したレタスは草丈も高くポリフェノール総量も増えた。

（4）意義 植物工場ではレタスを赤色光で育てる場合が多く、ポリフェノールを増やした機能性レタスが求められている。今回の研究から赤色光で初期生育を早め、収穫前に青色光でポリフェノール量を増やす栽培法が効果的だと思われる。

【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）

（1）研究目的 農業分野の光利用は補光、防蛾灯など積極的に取り入れられるようになった。また、光の照射が病害を防ぐ技術も開発されている。本研究では、生理生態について不明な点がある四季成り性品種「夏秋いちご」の緑色光照射に取り組み、炭そ病の評価について行う。また、病害に対する防除方法を探る。

（2）方法 緑色光照射区、無処理区に30株配置し羅病株を中央に配置する。それぞれの生育、病斑とその伝搬について調査する。

（3）研究結果 光照射区、無処理区ともに生育状況の違いは今のところ見られない。病害については現在、試験中である。

【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、西館香織、沼畑和恵（青森県立名久井農業高等学校）

（1）研究の目的 本研究は、ソバを栽培している耕地では雑草が生えないという農家に伝わる伝聞の検証を行う。

（2）方法 圃場試験：株間を変えたソバの試験区を5区設定し、雑草の変化について調査する。サンドイッチ試験：乾燥したソバの茎葉を寒天中に閉じ込め、寒天上にキク科植物の種子を静置し、根や茎の伸長を記録する。プラントボックス試験：育苗ポットで生育したソバ（根の重量2～3g）を用いて、寒天内に植物体を閉じ込め、寒天上にキク科種子を播種し、植物の根の伸長を記録する。

（3）結果 圃場試験：試験区全てにおいて、雑草は発生する。しかし、株間が25cmより狭くなると、発生した雑草は伸長が止まることが判明した。サンドイッチ試験：コントロールに比較すると、ソバをサンドイッチしたプレートでは、30%の根の伸長が抑制されることが判明した。

プラントボックス試験：ソバの植物体に近いほど、根の伸長が抑制されることが判明した。

（4）まとめ ソバの雑草抑制効果が確認された。この抑制効果は、ソバから放出される物質による可能性が大きく、乾燥物でも、植物体でも同様の根の伸長抑制効果が明らかになった。今後、この作用の解明を進め、除草剤としての活用方法を探りたい。

【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、花澤美咲、島守由香、風張利香（青森県立名久井農業高等学校）

（1）研究の背景

プラスチックは自然界で分解せず、処理に課題が残る。そこで、注目されるのが生分解性プラスチックである。微生物によってCO₂とH₂Oに分解される生分解性プラスチックの使用は、石油由来のプラスチックがもつ処理への課題を解決するひとつの方策である。

（2）目的 生分解性プラスチックを分解する菌を自然界から見つける

（3）方法 PBSAエマルジョンを混入したスクリーニング用培地を作成し、菌をスクリーニングする。

（4）結果 培地内で、クリアゾーンを生成する菌が発見できた。

（5）今後の展開 農業用マルチフィルムを用いた分解検定を実施する。分解活性が高まる要件は、菌によって異なることが予想される。私たちは、今後、青森県ならではの、低温化で分解活性が高い分解菌を自然界からスクリーニングを行いたい。

【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）

私たちは、2008年に岡山県笠岡市真鍋島において、採取したイガイの中から偶然、たくさんの天然真珠を発見した。その後の調査で次のことが明らかとなった。真珠はより大型の個体に多く含まれ、12cm以上の個体の60%に真珠が含まれていた。また、1個体に複数の真珠が含まれており、最大36個の真珠を含む個体もあった。イガイ真珠は最大3mmと小型である。いびつな形のものが多いが、真円型のものも見られる。色は黒が多いが、白・桃・金・青など様々な色があり、1個体の中でも多様な色の真珠が含まれる。真珠の中心には、砂粒などの核は見つからなかった。真珠を含む個体は含まない個体と比較して、殻にカキやフジツボによる穿孔の跡や破損して内側から修復された跡があり、その修復痕の部分に真珠が位置していることが多い。さらに、イガイが生息している付近の岩にはカキやフジツボが多数付着しており、その分布と真珠を含む頻度が多い個体の生息水深が一致していた。これらのことから、イガイの天然真珠は貝殻の修復に伴う外套膜の陥入によって形成された可能性が高いこと、生息域に固着性動物が多数生息しているために真鍋島産イガイに高頻度の真珠が形成されることが示唆された。

参加者名簿

氏名	所属	発表番号	懇親会
B Bernardi, Giorgi	Laboratory of Molecular Evolution, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Naples, Italy	IWS3-2	○
C Chuong, Cheng-Ming	Department of Pathology, Univ. Southern California	IWS2-5	○
CURRIE, Tom	University of Tokyo	WS14-3	
G Gusev, Oleg	独立行政法人 農業生物資源研究所 昆虫科学研究領域 乾燥耐性研究ユニット	IWS3-6	○
K Kryukov, Kirill	National Institute of Genetics, Mishima, Japan	OP4-12, OP4-2	
H Hembry, David	University of California, Berkeley	OP3-3	○
L Lee, Sean	東京大学総合文化研究科 生命環境科学系	P1-62	
S Sangheon Shu, Degan	西北大学	S3-1	
Stone, Jon	Department of Biology & Origins Institute, McMaster University, Canada		○
X Xu, Xing	Institute of Vertebrate Paleontology & Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences	S5-3	○
あ 青田 伸一	理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター	IWS2-1, OP1-5	
赤木 靖典	鳥取大学農学部植物病理学	P2-41	
吾妻 健	高知大学 医学部 環境保健学教室		
秋山-小田 康子	JT生命誌研究館	IWS1-4, WS12-3	
浅見 崇比呂	信州大学理学部	OP1-1, OP3-8, P2-21	○
安達 竜也	東北大学院 生命科学研究科	P2-15	○
足立 直樹	理化学研究所 基幹研究所 メタシステム研究チーム		○
足立 礼孝	神戸大学大学院理学研究科生物学専攻、理研CDB形態進化研究グループ	P2-12	○
阿部 貴志	長浜バイオ大学	OP4-9, P2-51	
荒川 和晴	慶應義塾大学先端生命科学研究所	WS6-6	
荒谷 優子	青森県立名久井農業高等学校	HP-7, HP-8, HP-6, HP-9	
い 飯島 玲生	大阪大学大学院生命機能研究科	P1-36, OP1-8	○
伊規須 素子	東京大学大学院総合文化研究科広域システム科学系磯崎研究室		
池尾 一穂	国立遺伝学研究所	IWS3-4, WS4-1, P1-56, P2-32	○
池田 望	北里大学 理学部 生物科学科 生物情報科学講座		
池田 啓	東京大学大学院理学系研究科	OP3-1	○
池田 紘士	森林総合研究所		
池谷 祐幸	農業・食品産業技術総合研究機構果樹研究所		
池本 有助	富山大学	P2-59	○
生駒 大洋	東京工業大学 大学院理工学研究科 地球惑星科学専攻	S6-4, S7-1	
石川 麻乃	北海道大学 大学院環境科学院	OP5-10	○
石塚 航	東京大学農学生命科学研究科森林科学専攻	P1-16	
石野 響子	桐蔭学園高等学校	HP-5	

氏名	所属	発表番号	懇親会
石丸 貴史	北海道大学大学院情報科学研究科生命人間情報科学専攻ゲノム情報科学研究室		
石渡 啓介	大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻	OP3-7, P1-60	○
磯崎 行雄	東京大学大学院総合文化研究科	S5-1	○
磯部 琴葉	首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻	P1-15	○
市沢 理奈	青森県立名久井農業高等学校	HP-8, HP-6, HP-9	
市橋 伯一	ERATO 科学技術振興機構	P2-24	
伊藤 剛	農業生物資源研究所	WS10-3, WS4-7	
伊藤 洋	国立環境研究所	WS3-2	○
伊藤 宗彦	東京学芸大学大学院教育学研究科理科教育専攻生物学コース		
井上 潤	東京大学大気海洋研究所	OP3-12	○
今田 弓女	京都大学理学部		
今西 規	産業技術総合研究所	IWS3-5	
入江 直樹	再生発生科学総合研究センター 形態進化研究グループ	P2-10	○
巖佐 庸	九州大学大学院理学研究院生物科学部門	OP5-8, OP5-7	○
岩崎 裕貴	長浜バイオ大学		
岩崎 涉	東京大学 大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻	OP4-1	
岩寄 航	東北大学生命科学研究科	P2-56, P2-58	○
岩瀬 峰代	総合研究大学院大学	P2-29	○
岩間 久和	香川大学・総合生命科学研究センター・遺伝子研究部門	OP4-10	○
應 蓓文	大阪大学		○
う 植田 翔悟	東京工業大学大学院生命理工学研究科田中幹子研究室	P2-7	○
植田 信太郎	東京大学	OP3-10, OP5-3, OP5-2	
上野 雄一郎	東京工業大学	S1-3, S7-1	○
氏家 由利香	信州大学理学部生物科学科	OP3-8	
内村 有邦	大阪大学 生命機能研究科	OP1-7	
内海 俊介	東京大学大学院総合文化研究科広域システム科学系	P1-48	
宇野 好宣	北大・院生命科学	OP1-10	
生形 貴男	静岡大学理学部地球科学科	P2-22, P2-21	○
梅村 芳隆	静岡大学大学院工学研究科システム工学専攻	P2-68	
え 江副 日出夫	大阪府立大・院・理・生物	P2-61	○
戎崎 俊一	理化学研究所基幹研究所	OL-4	
遠藤 一佳	東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻	P2-1	○
お 大石 康博	神戸大・院理・生物	P2-13	○
大澤 智興	九工大学院 情報工学研究院 生命情報工学研究系	P2-60	
大下 宏和	学校法人暁星国際学園ヨハネ研究の森		
大島 一正	基礎生物学研究所 生物進化研究部門	P1-39	
大島 一彦	長浜バイオ大学	OP2-12	
大田 朋槻	東京工業大学 大学院生命理工学研究科	P2-36, P2-37	○
太田 博樹	北里大学 医学部 解剖学研究室	OP2-8	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
大舘 智志	北海道大学低温科学研究所		○
大槻 朝	東北大学大学院生命科学研究科	P2-31	
大槻 涼	首都大学東京 牧野標本館	P1-23	○
大西 耕二	(新潟大・元教授)	OP5-4	○
大野 照文	京都大学総合博物館	S2-2	
大野 ゆかり	東北大・生命科学	P2-67, P2-58	
大橋 順	筑波大学大学院人間総合科学研究科	WS9-2	
岡田 和訓	筑波大学大学院生命環境科学研究科生物科学専攻	OP1-6	○
岡田 典弘	東京工業大学 生命理工学研究科 生体システム専攻	P2-36, S5-2, OL-1, P2-25, P2-37, P1-4, P2-35, P1-5, P2-38, S6-2, WS3-6, S1-1, P1-6, OP1-11	○
岡山 泰史	(株) 山と溪谷社		
小川 佳孝	首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻	P2-48, P2-23	
荻島 創一	東京医科歯科大学難治疾患研究所生命情報学	WS4-6	
荻野 肇	奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科	WS13-1	○
奥平 卓司	-		
奥山 雄大	国立科学博物館植物研究部	SS1-3	○
小倉 淳	お茶の水女子大学	WS4-8, P2-33	
長田 直樹	国立遺伝学研究所 進化遺伝研究部門	WS7-3	○
小田 広樹	JT生命誌研究館	WS12-3	○
越智 恵理子	筑波大学生命環境学群生物学類		
鬼丸 洸	東京工業大学生命理工学研究科	P2-4	○
小宅 綾菜	東邦大学 理学部	P1-36, P1-35, P1-34	
か 貝和 菜穂美	東京大学総合文化研究科広域システム科学系		
柿澤 茂行	東京大学農学部		
柿嶋 聡	東京大学大学院理学系研究科附属植物園	P1-18	
柿沼 久哉	理研 BSI 岡本研究室	IWS2-2	○
柏木 明子	弘前大学 農学生命科学部	P1-38	○
勝村 啓史	東京大学大学院新領域創成科学研究科先端生命科学専攻	OP2-8	○
桂 有加子	総合研究大学院大学先導科学研究科	OP2-11	○
加藤 俊英	東京大学大学院・総合文化研究科・広域システム科学系	P1-57	
門脇 辰彦	名古屋大学大学院生命農学研究科	OP2-3	
金井 昭夫	慶應義塾大学先端生命科学研究所	OP2-1, P2-50, WS6-1	
金子 邦彦	東大総合文化	WS12-1	
金子 聡子	お茶の水女子大学 生命情報学教育研究センター		
狩野 文浩	霊長類研究所、日本学術振興会	OP5-5	○
亀田 妃香留	青森県立名久井農業高等学校	HP-12	
川口 眞理	東京大学大気海洋研究所	P2-40, OP2-7	
川越 大輝	北海道大学大学院生命科学院	P2-43	

氏名	所属	発表番号	懇親会
川崎 和彦	ペンシルバニア州立大学	WS10-6	○
河崎 祐樹	名古屋大学大学院 生命農学研究科	P1-44	
川嶋 彩夏	総合研究大学院大学 先導科学研究科 生命共生体進化学専攻	P2-27	○
川島 武士	沖縄科学技術研究基盤整備機構	WS13-2	○
川津 一隆	京大院・農・昆虫生態	P2-62	○
川名 沙羅	首都大学東京 生命科学コース 進化遺伝学研究室	P2-23	
川森 愛	北海道大学	P1-26	○
神澤 秀明	総合研究大学院大学遺伝学専攻		○
菅野 敦史	清真学園高等学校	HP-3	
き 木賀 大介	東京工業大学 大学院総合理工学研究科	WS11-5	
菊川 信人	京都大学大学院理学研究科動物学教室	P2-16	○
菊池 潔	東京大学水産実験所	P2-46	
菊地 裕輔	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P2-6	○
岸田 治	北海道大学北方生物圏フィールド科学センター	WS12-4, OP5-7	
岸田 拓士	京都大学理学研究科動物学教室	P2-17	○
岸野 洋久	東京大学農学生命科学研究科	WS5-2, OP2-2	
岸本 利彦	東邦大学理学部		
北沢 美帆	大阪大学理学研究科	P2-70	○
北野 誉	茨城大学 工学部 生体分子機能工学科	P2-52	
北原 和樹	大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻	OP1-8, P1-37	
木村 幹子	東北大・院・生命科学	WS1-5, P1-20	○
金城 その子	国立遺伝学研究所遺伝情報分析研究室	P1-56	○
ぎ 魏 銘言	国立遺伝学研究所集団遺伝学齊藤研究室		
く 日下部 岳広	甲南大学理工学部生物学科	IWS1-2	
工藤 絵里	お茶の水女子大学大学院人間文化創成科学研究科ライフサイエンス専攻	P2-33	
熊谷 真彦	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	OP3-10	○
熊澤 慶伯	名古屋市立大学システム自然科学研究科	S6-1, OP3-6, P2-44	
神代 瞬	九州大学生物資源環境科学府昆虫学教室	P1-41	○
倉谷 滋	理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター 形態進化研究グループ	IWS1-1, P2-12, P2-10, P2-13, P2-4, OP1-5, WS12-5, P2-11, P2-14, P2-9	
栗田 喜久	筑波大学大学院生命環境科学研究科		○
黒川 顕	東京工業大学大学院生命理工学研究科	S2-3, P2-53	○
黒木 陽子	(独) 理化学研究所 基幹研究所 システム計算生物学研究グループ	WS7-2	○
こ 小泉 逸郎	北海道大学創成研究機構	P1-10	○
小泉 有希	京都大学大学院理学研究科動物系統学研究室	P1-52	
古賀 皓之	筑波大学・院生命環境		○
小久保 英一郎	国立天文台	S1-2	
小柴一竹内 和子	東京大学分子細胞生物学研究所	IWS2-4	

氏名	所属	発表番号	懇親会
小寺 啓文	東京理科大学大学院 理工学研究科 応用生物科学専攻	P2-30	
小林 和也	北海道大学農学院動物生態	P1-12, WS2-1	○
小林 憲正	横浜国立大学大学院工学研究院	WS11-2	
小林 直樹	東京工業大学大学院生命理工学研究科生体システム専攻	P2-25, OP1-11	○
小林 豊	京大大学生態学研究センター	OP5-9	
小宮 剛	東京大学大学院総合文化研究科	S2-1	
小藪 大輔	東京大学大学院理学系研究科	P2-20, P2-19	○
近藤 真理子	東京大学大学院理学系研究科附属臨海実験所	P2-32, P1-59	○
こ 郷 通子	情報・システム研究機構	WS10-4	
郷 康広	京都大学霊長類研究所	WS4-9, P2-39	
五條堀 淳	総合研究大学院大学・学融合推進センター	WS8-2, OP5-3, OP5-2	○
五條堀 孝	国立遺伝学研究所	S4-2, WS6-2	○
後藤 大輝	ペンシルバニア州立大学	WS10-5	○
後藤 龍太郎	京都大学大学院 人間・環境学研究科 加藤真研究室	P1-47	○
後藤 亮	山形大学大学院理工学研究科	P1-9	○
さ 斎藤 成也	国立遺伝学研究所	OP4-2, P2-49, P2-54	○
齋藤 曜平	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P2-37	○
酒井 祐輔	東北大学生命科学研究科		
佐久間 昌巳	株式会社インフォマジャパン	P2-71	
佐々木 慧	青森県立名久井農業高等学校	HP-11	
佐々木 剛	東京農業大学農学部バイオセラピー学科	P1-54	○
佐々木 裕子	国立感染症研究所		
颯田 葉子	総合研究大学院大学	P2-29, OP2-11, OP5-1,	○
佐藤 綾	東京学芸大学 連合学校教育	P2-28 P2-63	○
佐藤 直樹	東京大学大学院総合文化研究科	OP4-11	
佐藤 矩行	沖縄科学技術研究基盤整備機構	S3-2	
佐藤 比呂子	ヒトと動物の関係学会 (HAR s) 会員		
佐藤 正純	元慈恵医大		
佐藤 允治	茨城大学大学院理工学研究科物質工学専攻	P2-52	
佐藤 光彦	東北大・院生命	P2-58	○
佐藤 行人	国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門	WS8-6	○
里村 和浩	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P2-42	○
佐野 香織	上智大学 理工学研究科 生物科学領域	OP2-7	
し 椎名 隆	東海大学医学部基礎医学系分子生命科学	P1-56, P1-55	
志賀 靖弘	東京薬科大学生命科学部		
重信 秀治	基礎生物学研究所	IWS1-5 OP4-4	○
篠田 聖児	静岡県立静岡農業高等学校		
柴田 弘紀	九州大学 生体防御医学研究所 ゲノム機能学分野	WS9-5	○
嶋田 誠	藤田保健衛生大学 総合医科学研究所	OP4-7	
嶋田 正和	東大・総合文化・広域	P1-57, SS2-1, P1-1	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
清水 啓介	筑波大・院・教育	P2-1	○
下平 英寿	東京工業大学 情報理工学研究所	WS5-5	○
白井 一正	九州大学システム生命科学府進化遺伝学研究室	P1-4	○
白石 拓也	東京大学大学院農学生命科学研究科		
白戸 亮吉	山形大学大学院理工学研究科生物学専攻	P1-30, P1-29	
す 末永 光	産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門	WS4-3	
菅原 文昭	理研CDB	OP1-5	
鈴木 大	京都大学大学院理学研究科 動物学教室 動物系統学研究室	P1-2	○
鈴木 誉保	理研・CDB・形態進化	WS12-5, P2-11	○
鈴木 智也	信州大学大学院工学系研究科	P2-3, OP3-5	
鈴木 紀之	京都大学大学院農学研究科昆虫生態学研究室	P1-31	○
鈴木 彦有	東京工業大学大学院生命理工学研究科生体システム専攻	P2-35	○
鈴木 善幸	国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター	WS10-1	○
鈴木 亮	筑波大学菅平高原実験センター	OP5-12	
鈴木 留美子	総合研究大学院大学	P2-49	
須田 夏野	東京工業大学 生命理工学研究科 生体システム専攻	P2-7, P2-8	○
須島 充昭	東京大学大学院総合文化研究科広域システム科学系		
須藤 靖	東大・院理	S7-2	
隅山 健太	国立遺伝学研究所	WS10-2	○
せ 徐 泰健	東京大学農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット	WS5-3	
関根 一希	信州大学大学院総合工学系研究科	WS1-3, P1-21, OP3-5	
瀬々 潤	お茶の水女子大学	WS4-5	○
瀬戸 陽介	首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻	OP2-4	○
そ 蘇 智慧	JT生命誌研究館	OP3-7, P1-60	○
た 泰中 啓一	静岡大学創造科学技術大学院	P2-68, WS2-4, P2-65	
高雄 三繪子	暁星国際学園ヨハネ研究の森		
高根 香織	1. 慶大・先端生命研 2. 慶大院・政策メディア, 先端生命	P2-50	
高橋 一男	岡山大学異分野融合先端研究コア	WS13-4, P2-47, P1-32	○
高橋 さゆり	秋田県立秋田南高等学校	HP-1	
高橋 真保子	総合研究大学院大学		○
高橋 佑磨	筑波大院・生命環境	OP5-11	○
竹内 寛彦	京都大学大学院理学研究科動物科学専攻動物学教室	P1-53	
竹内 雅貴	理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター	IWS1-6	○
竹松 哲男	(有) 竹松印刷所		
田尻 怜子	理研CDB 形態形成シグナル研究グループ	OP1-2	○
多田 基紀	理化学研究所 発生再生科学総合研究センター 形態進化研	P2-14	
立田 晴記	究グループ 琉球大学農学部	WS3-5	
田中 景子	東海大学医学部基礎医学系分子生命科学	P1-56, P1-55	
田中 健太郎	総合研究大学院大学 遺伝学専攻	WS8-8	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
田中 隼人	静岡大学創造科学技術大学院		
田中 秀二	京都府立洛北高等学校	SS2-6	
田中 幹子	東京工業大学大学院生命理工学研究科	IWS2-3, P2-5, P2-7,	○
田中 雄太	東海大学大学院 工学研究科 工業化学専攻	P2-4, P2-6, P2-8 OP2-10	○
田辺 晶史	筑波大学大学院生命環境科学研究科構造生物学専攻	P1-51, SS1-2	○
田村 浩一郎	首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻	P1-15, P2-48, P2-23, P2-42, OP2-4, OP2-5,	○
田村 光平	東京大学大学院理学系研究科	SS1-1 P2-64	○
田村 元秀	国立天文台	WS11-1	
田村 舞子	沖縄科学技術研究基盤整備機構		
つ 筑地 美友	静岡県立静岡農業高等学校	HP-2	
辻 英明	環境生物研究会		
津田 真樹	東北大学大学院生命科学研究所	P2-56, OP5-6	○
土田 努	理化学研究所 松本分子昆虫学研究室	P1-45	○
て 手島 康介	総合研究大学院大学 学融合推進センター	WS8-7	○
手塚 あゆみ	東北大・院・生命科学	P1-7	○
寺井 洋平	東京工業大学生命理工学研究科	P1-4, P1-5, P1-6,	○
寺門 潔	埼玉大学	OP1-11 OP2-6	○
と 東城 幸治	信州大学理学部生物科学科	P2-3, WS1-3, P1-21,	
遠山 弘法	九州大学 生態科学研究室	OP3-5 P1-19	
土岐田 昌和	筑波大・院生命環境	P2-18	○
徳田 誠	九州大学・高等教育開発推進センター	P1-41, P1-40, P1-42	○
得丸 公明	衛星システムエンジニア・自然思想家	P1-63	○
豊田 太郎	東京大学大学院総合文化研究科	WS11-3	
ど 堂園 いくみ	神戸大学大学院人間発達環境学研究科	WS3-3	
土畑 重人	琉球大・農	WS2-2	
な 中井 咲織	立命館宇治中高	SS2-4	
中井 静子	日本大学 生物資源科学部		○
長井 敏	水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所	WS4-4	
中尾 央	京都大学文学研究科科学哲学科学史専修	WS14-1	
中川 さやか	東京大学大学院・総合文化研究科・広域システム科学系	P1-22	○
中川 淳	首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻	P2-34	
中川 草	国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター	WS6-2	○
中込 滋樹	北里大学医学部	WS9-3	
長崎 慶三	(独) 水産総合研究センター 瀬戸内海区水産研究所	OP3-11	○
中島 裕美子	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・分子生命科学研究施設		
長太 伸章	京都大大学院理学研究科動物生態研究室	P1-58	○
中谷 礼仁	早稲田大学理工学術院	WS14-5	○
中谷 友紀	東京工業大学大学院生命理工学研究科バイオサイエンス専攻	P2-6	

氏名	所属	発表番号	懇親会
中野 裕昭	筑波大学 下田臨海実験センター	OP1-3	○
中橋 涉	明治大学先端数理科学インスティテュート	OP4-5	
中鉢 淳	独立行政法人理化学研究所・基幹研究所	WS6-3	○
中村 喜美子	なし		
中本 泰史	東京工業大学	S7-1	
中山 歩美	青森県立名久井農業高等学校	HP-8, HP-6, HP-9	
中山 智生	筑波大学生命環境学群生物学類	P2-18	○
鍋田 修身	東京都立豊島高等学校	SS2-3	
成相 有紀子	静岡大学大学院 工学研究科システム工学専攻	P2-68, P2-65, WS2-3	
に 新津 修平	国際基督教大学大学院理学研究科生命科学デパートメント		
新村 芳人	東京医科歯科大学 難治疾患研究所	WS6-2, WS8-3, P2-55	○
二階堂 雅人	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P2-36, P2-37, P2-35,	○
二河 成男	放送大学教養学部	P2-38 WS6-4, P1-1	○
西田 睦	東京大学 大気海洋研究所 海洋生命科学部門	P2-40	○
西原 秀典	東京工業大学 大学院 生命理工学研究科	P2-25, S6-2, OP1-11	○
丹羽 隆介	筑波大学大学院 生命環境科学研究科 次代を担う若手大学	WS13-5	○
ね 煉谷 裕太郎	人育成イニシアティブ 東京大学大学院農学生命科学研究科		
の 野口 恵	東京工業大学生命理工学研究科	P2-53	
野下 浩司	九州大学大学院システム生命科学府	P2-21	○
野田 政樹	青森県立名久井農業高等学校	HP-10	
野殿 英恵	慶應義塾大学大学院理工学研究科	WS1-4	
野村 尚史	国立科学博物館 筑波実験植物園	P1-17	○
は 箱山 洋	中央水産研究所/東京海洋大学	WS1-1	○
橋口 康之	大阪医科大学 生物学教室		
橋本 智美	東邦大・院・理	P1-36, P1-34	
長谷 和子	東京大学大学院総合文化研究科広域システム	P1-1	○
長谷 武志	理化学研究所 植物科学研究センター	P2-55	○
長谷川 英祐	北海道大学大学院、農学研究院、生物生態・体系学分野、動	WS2-1, P1-49	
長谷川 政美	物生態学研究室 復旦大学生命科学学院	WS5-1, S3-3	○
長谷川 眞理子	総合研究大学院大学先導科学研究科生命共生体進化学専攻	WS9-1	
長谷部 光泰	基礎生物学研究所	P1-39, S4-1	○
畑 啓生	愛媛大学大学院理工学研究科	P1-3	○
服部 正平	東京大学	WS6-4, WS4-2, OP4-8	
花田 耕介	独立行政法人 理化学研究所	WS8-1	
早川 卓志	京都大学霊長類研究所	P2-39	
早川 敏之	京都大学霊長類研究所	P1-61	○
早坂 脩平	山形大学 大学院 理工学研究科 生物学専攻	P1-28	
早崎 博之	東京都立江北高等学校	SS2-3	
林崎 良英	独立行政法人 理化学研究所 オミックス基盤研究領域	IWS3-3	

氏名	所属	発表番号	懇親会
原田 枝里子	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P2-34	○
ば 馬場 悠男	国立科学博物館 人類研究部	S6-3	○
ひ 東山 大毅	1.理化学研究所 CDB 2.神戸大・院・生物	P2-9	○
彦坂 暁	広島大学大学院総合科学研究科	P2-26	
久富 泰資	福山大学 生命工学部 生物工学科	P1-33	
平尾 一郎	理化学研究所・生命分子システム基盤研究領域	WS11-4	
平川 有宇樹	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻		
平川 美夏	京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター		
平山 廉	早稲田大学国際教養学部	OL-3	
廣田 忠雄	山形大学理学部生物学科	P1-30, P1-28, P1-29	
ふ 深田 善樹	個人聴講		
深津 武馬	産業技術総合研究所	P1-45, P1-40, WS6-4,	○
藤井 智久	九州大学大学院比較社会文化学府国際社会文化専攻	P1-46, P1-43 P1-42	○
藤澤 知親	Imperial College London	P1-13	
藤島 皓介	慶應義塾大学先端生命科学研究所	P2-50, WS6-1	
藤田 純太	京都大学 フィールド科学教育研究センター		○
藤戸 尚子	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	OP2-9	○
藤村 衡至	アメリカ・メリーランド大	WS3-6	○
藤本 明洋	理化学研究所 ゲノム医科学研究センター	WS7-1	○
布山 喜章	首都大学東京		
古川園 智樹	慶應義塾大学環境情報学部		
古田 芳一	東京大学新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻	OP4-8	
ほ 北條 優	琉球大学 熱帯生物圏研究センター	P2-23, P1-14	
細 将貴	東北大学大学院 生命科学研究科	P1-50	
細川 貴弘	産総研・生物共生進化機構研究グループ	WS6-4, P1-46, P1-43	○
細道 一善	東海大学医学部基礎医学系分子生命科学	IWS3-1	
保谷 彰彦	東大院総合文化	WS1-2	
堀池 徳祐	静岡大学・若手グローバル研究リーダー育成点	OP4-3	
本郷 裕一	東京工業大学大学院生命理工学研究科	WS6-5	○
本間 淳	総研大・先導科学・生命共生体進化学	P1-25	○
ま 前川 優	静岡大学		
前島 健作	東京大学大学院農学生命科学研究科		
牧野 能士	東北大学大学院生命科学研究所	P2-58, WS8-5	○
松浦 克美	首都大学東京 生命科学専攻	SS2-2	
松浦 宏典	名古屋市立大学 システム自然科学研究科	OP3-6	○
松浦 まりこ	首都大学東京 都市教養学部 都市教養学科 理工学系 生命科学コース		
松浦 優	筑波大学大学院 生命環境科学研究科 生物機能科学専攻	P1-43	○
松尾 隆嗣	首都大学東京 理工学研究科	P2-34	
松尾 優一	東京大学 大学院 農学生命科学研究科		

氏名	所属	発表番号	懇親会
松尾 義則	徳島大学大学院ソシオ・アーツ・アンド・サイエンス研究部		
松島 野枝	東北大学生命科学研究科	P1-7	
松波 雅俊	総合研究大学院大学生命科学科遺伝学専攻	P2-54	○
松橋 彩衣子	東北大・院・生命科学		
松林 圭	北海道大学大学院 地球環境科学院	WS3-1	
松原 和純	名古屋市立大学システム自然科学研究科熊澤研	P2-44	
松本 知高	九州大学システム生命科学府進化遺伝学研究室	P2-69	○
的場 知之	東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻生命・環境科学系	P1-24	
間野 修平	統計数理研究所	WS5-4, WS9-4	○
丸山 茂徳	東京工業大学	S6-2, OL-2, S4-3, S1-1	○
回淵 修治	北里大学理学部生物科学科生物情報科学講座		
み 三浦 収	京都大学大学院地球環境学堂	OP3-2	○
三浦 徹	北海道大学・大学院地球環境科学研究院	P2-59, OP5-10, WS13-3, P2-2	○
三木(川原) 玲香	東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター		
三笠 建次	明海大学歯学部		
三沢 計治	独立行政法人 理化学研究所 次世代計算科学研究開発プロ グラム	WS7-1	○
水野 晃子	総研大・学融合推進センター	P2-57	○
水野 寿朗	大阪市立大学理学部生物学科		
水野 文月	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	OP5-3, OP5-2	
葉袋 良一	静岡大学若手グローバル研究リーダー育成拠点	OP4-3	
三中 信宏	農業環境技術研究所	WS14-2	○
南 さくら	立命館宇治中学校・高等学校	HP-13	
宮 正樹	千葉県立中央博物館		
宮城 竜太郎	東京工業大学大学院生命理工学研究科生体システム専攻	P1-5, P1-6	○
宮澤 秀幸	大阪大学理学研究科生物科学専攻	P1-60	
宮竹 貴久	岡山大学・環境学研究科	P1-32	
宮橋 裕司	慶應義塾志木高等学校		
む 村上 貴弘	北海道教育大学函館校教育学部環境科学専攻	OP1-12	○
村田 知慧	北海道大学大学院 生命科学院	OP1-9	○
村田 有美枝	東京工業大学大学院生命理工学研究科		○
も 舞木 昭彦	九州大学理学研究院	OP5-7	○
森 健人	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	P2-19	○
森井 悠太	東北大学大学院生命科学研究所生態システム生命科学研究所	P1-11	○
守屋 央朗	進化生態科学講座群集生態分野 岡山大学異分野融合先端研究コア	WS8-4	
や 八木 議大	北海道大学大学院農学院動物生態学研究室	P1-49	
矢口 邦雄	理化学研究所 脳科学総合研究センター 行動遺伝学技術開 発チーム		
矢後 勝也	東京大学 総合研究博物館	P1-59	○
安岡 有理	東大・院理・生命科学	OP1-4	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
安河内 彦輝	総合研究大学院大学先導科学研究科	P2-28	○
矢田 紗織	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻		
矢野 環	同志社大学 文化情報学部	WS14-4	
山岸 明彦	東京薬科大学・生命科学部	WS11-6	
山口 晴代	筑波大学大学院 生命環境科学研究科		
山田 裕貴	愛媛大学附属高等学校	HP-4	
山野井 貴浩	白鷗大学足利高等学校・東京大学大学院学際情報学府・東京	SS2-5	
山本 哲史	理科大学大学院科学教育研究科 京都大学大学院理学研究科	WS3-4	○
楊 静佳	東京大学大学院新領域創成科学研究科	OP3-9	
ゆ 行弘 研司	(独) 農業生物資源研究所	OP3-4	○
由良 敬	お茶の水女子大学生命情報学教育研究センター	WS10-4	
よ 横山 亜紀子	筑波大学大学院生命環境科学研究科		
横山 良太	北海道大学北方生物圏フィールド科学センター	P1-8	○
吉田 勝彦	国立環境研究所生物圏環境研究領域	P2-66	
吉田 恒太	東京工業大学大学院生命理工学研究科	OP1-11	○
吉村 仁	静岡大学創造科学技術大学院	P2-68, OP5-11, P2-65,	
四方 哲也	大阪大学バイオ情報工学専攻、ERATO、JST	WS2-3 P1-36, P2-24, OP1-8, P1-35, P1-38, P1-37, P1-34, WS12-2	
依藤 実樹子	東京大学 大気海洋研究所 海洋生命科学部門 分子海洋生 物学分野		
り 林 季瑋	北海道大学環境科学研究院	P2-2	○
わ 若本 佳南	青森県立名久井農業高等学校	HP-8, HP-6, HP-9	
和田 洋	筑波大学生命環境科学研究科	IWS1-3, OP1-6	
渡辺 格	千葉県立船橋二和高校		
渡辺 衛介	広島大・生物圏	P1-27	
渡部 輝明	高知大学医学部	OP2-2	

企業展示

本大会の開催期間中、下記の企業展示をP会場（東京工業大学百年記念館1階、ポスター会場内）にておこないます。

ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社
ライフテクノロジーズジャパン株式会社
三菱スペース・ソフトウェア株式会社
共立出版株式会社
株式会社 勁草書房

協賛

第12回日本進化学会東京大会を開催するにあたり、下記の企業にご協賛いただきました。

この場を借りて厚く御礼申し上げます

イルミナ株式会社

illumina®

ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社



大会運営

第12回日本進化学会大会実行委員会

大会委員長	岡田 典弘	(東工大・生命理工)	シンポジウム、ポスター
大会副委員長	丸山 茂徳	(東工大・理工)	シンポジウム、ポスター
実行委員	井田 茂	(東工大・理工)	広報
	下平 英寿	(東工大・情報理工)	庶務
	磯崎 行雄	(東大・総合文化)	シンポジウム
	中本 泰史	(東工大・理工)	会場
	太田 啓之	(東工大・生命理工)	懇親会
	黒川 顕	(東工大・生命理工)	企業展示、協賛、広告
	梶川 正樹	(東工大・生命理工)	シンポジウム
	寺井 洋平	(東工大・生命理工)	ワークショップ、夏の学校、 高校生ポスター、要旨集、受付
	二階堂 雅人	(東工大・生命理工)	会場設営、懇親会、ポスター配布、 シーラカンス展示
	西原 秀典	(東工大・生命理工)	シンポジウム、口頭・ポスター発表、 大会HP、参加登録受付、会計

首都大学東京、田村浩一郎先生にweb登録についてご協力いただきました。

共催

東京工業大学 東京大学 グローバルCOEプログラム

地球から地球たちへ 一生命を宿す惑星の総合科学—

第12回日本進化学会大会 プログラム&要旨集

発行日 2010年8月2日

発行者 ©第12回日本進化学会大会実行委員会

〒226-8501 神奈川県横浜市緑区長津田町4259 B-21

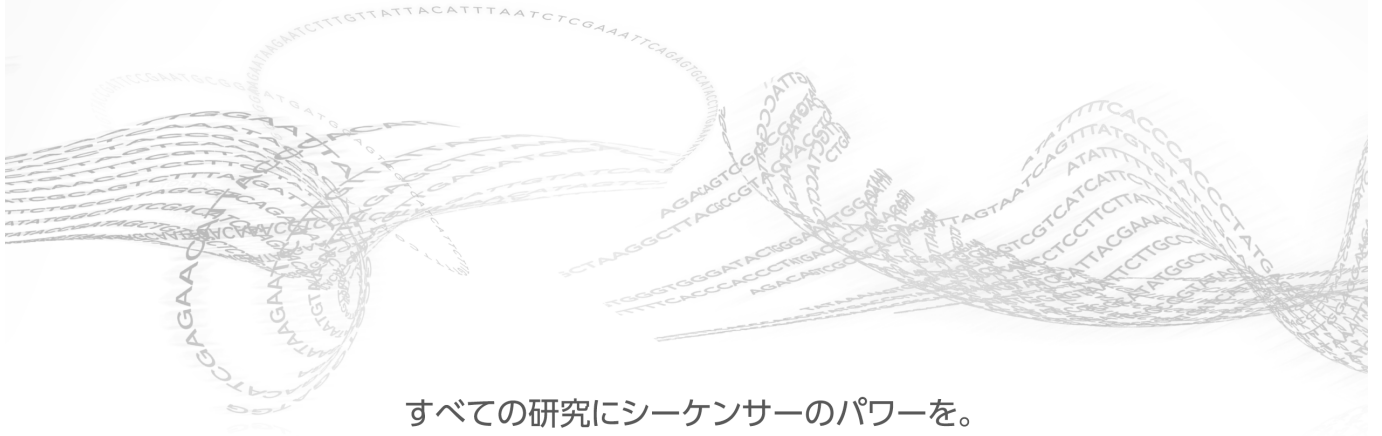
東京工業大学生命理工学研究科生体システム専攻

岡田研究室

発行所 株式会社 東信堂 〒113-0023 東京都文京区向丘1-20-6

無断転載を禁ず

The Power of Sequencing



すべての研究にシーケンサーのパワーを。
研究の規模と用途にあわせて選べる次世代シーケンサーラインアップ。



新たなシーケンスの歴史を
創り出す

HiSeq 2000

次世代シーケンサーの
世界標準

Genome Analyzer IIx

アレイとシーケンスを
1台のシステムで

HiScanSQ

手に届く
次世代シーケンサー

Genome Analyzer IIe

イリミナ株式会社

〒103-0025
東京都中央区日本橋茅場町2-13-13 共同ビル5F
Tel (03)4578-2800 Fax (03)4578-2810
www.illumina.co.jp

illumina®



新たなシーケンスの歴史を創り出す HiSeq™ 2000

8日間で癌と正常細胞の30xシーケンス
1回のランで192の遺伝子発現プロファイリング
同じサンプルのゲノムとエピゲノムを同時解析

圧倒的なリード数とスループットでゲノム研究に新たな時代

www.illumina.com/hiseq2000

イルミナ株式会社

〒103-0025
東京都中央区日本橋茅場町2-13-13 共同ビル5F
Tel (03)4578-2800 Fax (03)4578-2810
www.illumina.co.jp

illumina®

パーソナル次世代シーケンサー

GS ジュニア ベンチトップシステム

GS Junior Benchtop System

- ・リーズナブルな次世代シーケンサー
- ・コンパクトなサイズとデータ量で小規模実験や検討実験に最適
- ・400塩基のロングリード
- ・解析ソフトウェア標準添付

2010年7月
新発売！



<http://gsjunior.jp/>



ロシュ・ダイアグノスティクス株式会社

〒105-0014

東京都港区芝2-6-1

Tel: 03-5443-5287 Fax: 03-5443-7098

e-mail: tokyo.biochemicals@roche.com

URL: <http://www.roche-biochem.jp>

次世代シーケンサーお悩みカウンセリング

Support Your Discovery

MSS Bioinformatics

— Since 1990, 20th Anniversary —

メモリ容量？

データの
保存方法は？

CPUコア数と
クロック？

ピークコールのツールは？

SAMフォーマットって？

WGSには
どんな環境が？

SNPコールツールは？

データの
クリーンアップは？

リファレンスゲノム
が無い時は？

マッピングツールは？

ストレージサイズ？

ゲノムブラウザ？

その悩み、ズバリ解決いたします。

解析システム構築、解析パイプライン構築、ソフトウェア開発、受託解析等といった次世代シーケンサーに関わる様々なお悩みを、ズバリ解決いたします。

MSSの
次世代シーケンサー関連
ソリューション一覧

解析パイプライン構築

用途に応じた最適な解析ツールを選び、ツールを組み合わせるの
パイプライン構築をご提案します。

受託解析

弊社の解析ノウハウ、計算サーバー
をフル活用。まずはご相談下さい。

解析システム構築

サーバー、ストレージの設計から
設置まで、ご支援いたします。

ソフトウェア開発

用途に応じてオリジナルのソフト
ウェアを開発いたします。

その他サービス

その他、パートナー企業と連携して、
様々なソリューションをご提供いた
します。



次世代シーケンサー用
エントリーワークステーション

HPCS SW-T610

次世代シーケンサー向け解析に必要なソフトをインストール。
あとは電源を入れるだけ！

Westmare
2cpu
12core

48GB
Memory

14TB
HDD

+

解析
ソフト

税別

¥1,450,000~

Coming
Soon..

詳細は
Webで...

次世代はMSS

検索

<http://www.mss-bio.net/>

◆ 会場内でブース出展しています。お気軽にお立ち寄り下さい。

※記載されている社名及び製品名は各社の商標または登録商標です。

三菱スペース・ソフトウェア株式会社
MITSUBISHI SPACE SOFTWARE CO., LTD.

営業本部 第二営業部 バイオインフォマティクスグループ

TEL 06-4961-8825 FAX 06-4961-8830

E-mail: MSSbio-sales@cbo.mss.co.jp

〒661-0001 兵庫県尼崎市塚口本町5-4-36(富士テクノスクエア)

ゲノム・環境・進化を軸に立体的に構成する

現代生物学入門

全10巻

【編集】浅島 誠・黒岩常祥・小原雄治

ヒトの全ゲノム配列の解読は生物学を一変させ、あらゆることがゲノムで語られる時代です。一方、そうした普遍性とは対照的な生物のもつ驚くべき多様性の発見もあります。新時代に相応しい新しい生物学の教科書を提供します。A5判・上製カバー・2色刷【内容案内進呈】



既刊 1 ゲノム科学の基礎

吉川 寛・伊藤隆司・上野直人・佐々木裕之・中井謙太

ゲノムについて歴史的背景を概観しながら基本を解説。今後必須となるエピジェネティクスなども扱う。 定価3360円

4 脳神経生物学

岡本 仁・井ノ口 馨・坂井克之・石浦章一

人間の根源を問うにまで至った脳研究の現在をゲノム科学との関連、認知神経科学や脳の病気なども含め紹介。 定価3150円

6 地球環境と保全生物学

鷺谷いづみ・椿 宜高・夏原由博・松田裕之

生態学の基礎をおさえつつ、気候変動やランドスケープ、資源管理など不可欠な要素を、今日的視点で解説。 定価3150円

7 再生医療生物学

阿形清和・中内啓光・山中伸弥・岡野栄之・大和雅之

生物の再生能力のメカニズムと医療への応用を、プラナリアから、ES細胞・iPS細胞までを例に解説する。 定価2940円

8 システムバイオロジー

近藤 滋・北野宏明・金子邦彦・黒田真也

生物をシステムとして理解しようとする新たな潮流が大きく進展。そのうちの最も代表的な考え方を紹介。 定価3150円

9 合成生物学

浅島 誠・柳川弘志・土居信英・板谷光泰・菅原 正・四方哲也

生命はどのように誕生したか？ 人工細胞の合成や細胞内共生の再現など、この永遠の謎に迫る研究を紹介。 定価3150円

続刊 2 ゲノム科学の展開 3 構造機能生物学 5 免疫・感染生物学 10 極限環境生物学

シリーズ 進化学 全7巻

【編集】石川 統・斎藤成也・佐藤矩行・長谷川眞理子
A5判・上製カバー・本文2色刷 定価各3780円

1 マクロ進化と全生物の系統分類

佐藤矩行・柁原 宏・馬渡峻輔・長谷川政美・大野照文・西田治文・川上紳一・石川 統

2 遺伝子とゲノムの進化

斎藤成也・藤 博幸・小林一三・川島武士
佐藤矩行・植田信太郎・五條堀 孝

3 化学進化・細胞進化

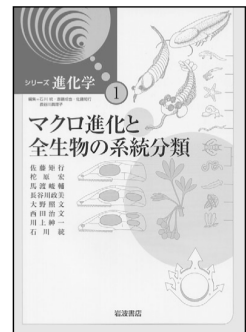
石川 統・山岸明彦・河野重行
渡辺雄一郎・大島泰郎

6 行動・生態の進化

長谷川眞理子・河田雅圭・辻 和希・田中嘉成
佐々木 顕・長谷川寿一

7 進化学の方法と歴史

長谷川眞理子・八杉貞雄・粕谷英一
宮田 隆・四方哲也・巖佐 庸・石川 統



【定価は消費税5%込みです】

岩波書店



〒101-8002 東京都千代田区一ツ橋2-5-5
<http://www.iwanami.co.jp/>

最新刊

新・生命科学シリーズ

太田次郎・赤坂甲治・浅島 誠・長田敏行／編集

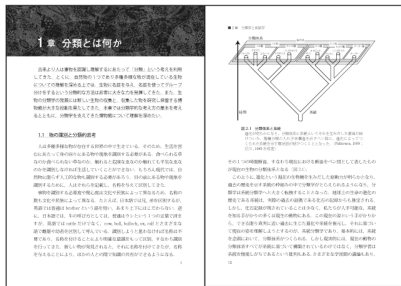
目覚ましい勢いで進歩している生命科学を、従来の枠組みにとらわれずに新しい視点で切り取り、基礎から最先端まで幅広く解説します。大学生をはじめとする、生命科学を学ぶ全ての方々の参考書に最適です。

動物の系統分類と進化

藤田 敏彦 著 206頁／定価2625円

分類、系統、進化の観点から、現在の地球上の多様な動物の姿を明らかにすることで、その姿が5億年の間にどのようにして生じてきたのかを解説。系統樹の作成や、地球上の動物の多様性の理解を深めたい方にお勧めしたい一冊。

【主要目次】1. 分類とは何か 2. 分類学と系統学 3. 学名と標本の役割 4. 動物系統分類学の方法 5. 動物の系統と進化 6. 動物の多様性と系統

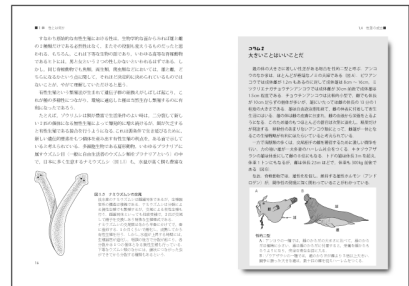


動物の性

守 隆夫 著 130頁／定価2205円

爬虫類の温度に依存する性決定や、キンギョハナダイの性転換、ボネリムシの性決定、ミツバチの半倍数性の性決定の話など、さまざまな動物における性の決定機構を紹介しながら、不思議な性分化の仕組みを解説。

【主要目次】1. 性とは何か 2. 性の決定 3. 遺伝子型に依存する性決定 4. 各種の因子による性の決定 5. 性決定の修飾あるいは変更 6. 性分化の完成



好評既刊

生命の意味

進化生態からみた
教養の生物学

桑村哲生 著 定価 2100 円



「進化」「遺伝子」をキーワードとして、中学までの理科の知識で理解できるように「生命の意味」をやさしく語った「読んで生物学の楽しさを実感できる」教科書。

初歩からの 集団遺伝学

安田徳一 著 定価 3360 円



生物多様性の保全、育種、臨床遺伝などの分野で、改めて重要性を増してきた集団遺伝学入門書。最低限必要な数式とともに言葉で丁寧に解説し、巻末に確率・統計についての基礎的な解説を収めた。

人類進化論

霊長類学からの展開

山極寿一 著 定価 1995 円



野生霊長類のフィールドワークの成果に基づいて、人類の進化史の解明を初めて試みた書物。霊長類学によって人類の過去に遡り、現在の人間を見つめ直す視線を養う。

★★詳しい目次や内容見本、その他の書籍についてはホームページをご覧ください★★ 価格は税込み●A5判

〒102-0081 東京都千代田区四番町8-1
Tel 03-3262-9166 Fax 03-3262-9130
電子メール info@shokabo.co.jp

自然科学書出版
裳華房

ホームページ
http://www.shokabo.co.jp/
仮名の しょうかぼう で検索できます

学術論文翻訳 【心理学・哲学・教育学・看護学・医学】

和文英訳/英文和訳/英会話テープおこし等

Our Translators Hold Master's or Doctoral Degrees

翻訳スタッフは全員が修士号／博士号取得者

学術論文に精通した日本人スタッフとネイティブスタッフの共同作業により、高品質な翻訳文に仕上げます。

Our Native English Speaking Staff are English as a Second Language Educators

ネイティブスタッフはESL(第2外国語としての英語)教育経験者

日本人の文章構成を十分に理解しているの、よりの確かつきめ細かい翻訳文に仕上げます。

We Are Dedicated to Deepening Our Knowledge

関連する分野の論文を徹底リサーチ

その分野特有のテクニカルタームや表現をリサーチした後、翻訳にとりかかります。

また、リピート頂いた場合にも翻訳文にぶれが生じないように、お客様一人一人の用語集を作成いたします。

PRICES

翻訳料金

文字数は原文でカウントします。
()内は、1ページを200英単語または
400和文字とした場合の参考価格です。

General Translation 一般文書

- 英語から日本語 ¥10 / per word (¥2,000 / 1 page)
- 日本語から英語 ¥13 / per character (¥5,000 / 1 page)

Academic Translation 学術論文・専門書

- 英語から日本語 ¥15 / per word (¥3,000 / 1 page)
- 日本語から英語 ¥16 / per character (¥6,500 / 1 page)

Proofreading ブルーフリード

ネイティブによるブルーフリードです。和文も提出して下さると、日本人スタッフとの共同作業となりより正確な校正が可能となります。

- 1 page (200 words) ¥3,000

Audio & Video Translation テープおこし

テープおこしは、英語で行われた会議、講義、座談会やインタビューなどの音声録音を聞き取り、テキストに変換する(起こす)サービスです。

- 録音時間30min. ¥20,000
- 英語から日本語へ翻訳 ¥15 / per word (¥3,000 / 1 page)

Book Translation 書籍翻訳

担当のチームを作り、用語の統一、文体の統一を行います。関係分野の調査も含めた翻訳に取り組みます。費用は相談とさせていただきます。

Other Services その他

論文、書籍、あるいはジャーナルなどの要約だけの翻訳をご希望の方は、ご予算や納期に応じたお見積りも可能です。また、一般書(文学や書類など)も対応いたします。お気軽にお問い合わせください。

Private English Conversation Lesson/ Writing Classes

プライベート英会話レッスン

場所は文京区スクールでの受講となります。日時はクライアントのご都合を優先するように対応させていただきます。(但し、夜は9時までに終了となります。)出張をご希望の場合は、下記の通りではありませんが、できるだけの対応をさせていただきますのでご相談ください。

サービスの流れ

001 お見積り依頼

翻訳したい原稿がございましたら、まずはメール・お電話・またはFAXにてご連絡ください。

002 お見積り算出

頂いた原稿の文字数/ワード数をもとにお見積りを算出します。お急ぎの場合はその旨ご連絡ください。

003 お打ち合わせやお電話でのヒアリング

より詳しいご要望事項をご相談ください。ご要望に合わせて再度お見積りを算出させていただきます。

004 正式発注

005 翻訳内容のリサーチ

最近の英語論文や同分野での研究などを、きめ細かくリサーチした上で、クライアントの翻訳をスタートいたします。

006 Qualityへのこだわり

1つの論文に最低3名のスタッフが関与いたします。

007 お客様へのご納品

最終的にお客様のご要望に沿った体裁に整え、マイクロソフトワード形式にてご納品いたします。

008 お支払い

ご納品後、指定の口座へ料金をお支払いいただきます。

F&I Translations

150-0001 東京都渋谷区神宮前1-20-3-306

tel. 03-3479-1159 fax 03-5684-8825

tokyo@fi-translations.com

03-3479-1159

www.fi-translations.com

早見表 8月2日

P会場

D会場 夏の学校

W2会場 ワークショップ

W1会場 ワークショップ

S会場 公開講演会

12:20	OL 【OL-1】シーラカンスが日本に 来るまで 岡田典弘 (東工大・ 院生命理工)				
13:00	【OL-2】日本人漢民族説と日本 国家の誕生 丸山茂徳 (東京工 業大学)				
14:00	【OL-3】恐竜における性的淘汰 圧を考える 平山廉 (早稲田 大・国教)				
15:00	【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 我崎俊一 (理化学研究所・基幹研究所)				
16:00					一般ポスター掲示
17:00					高校生ポスター掲示

新しい分子系統解析論

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

【SS1-2】テ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・院生命環境科学)

【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・植
物)

進化教育 夏の学校

【SS2-1】新学習指導要領での進化の扱い
嶋田 正和

【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

【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— 〇早崎博之1、〇郷田修身
2、白石直樹3

【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

【SS2-6】ポストクのキャリアパス—進化学
のサポーターを養成すること— 田中秀二

早見表 8月3日 9:00-12:00

O会場 一般口頭発表

時間	発表題目	発表者
9:00~	[OP1-1] 母性効果の多面発現とエビジェネティクスがもたらす純化淘汰	宇津野宏樹
9:15~	[OP1-2] 関節で向かい合う骨格の二面がピッチリと嵌まり合う仕組み—昆虫の肢の関節の発生学と比較形態学—	田尻怜子
9:30~	[OP1-3] 謎の動物 珍満虫 Xenoturbella bockiの進化と系統	中野裕昭
9:45~	[OP1-4] 脊椎動物の頭部オーガナイザー獲得に関わるエンハンサー進化	安阿有理
10:00~	[OP1-5] 円口類ヤツメウナギの終脳発生におけるD-Vパターンニングと領域化機構—脊椎動物終脳の進化の理解に向けて—	菅原文昭
10:15~	[OP1-6] 咽頭弓進化の解明を目指したPax1とPax9の発現・機能解析	岡田和訓
10:30~	[OP1-7] 高い突然変異率をもたらす哺乳類集団への影響と新たな表現型の創出	内村有邦
10:45~	[OP1-8] 長期実験室内進化からみた大腸菌の変異と発現の変遷	藤文應
11:00~	[OP1-9] オキナワトゲネズミのSRYの機能性と新たな性染色体領域の構造	村田知憲
11:15~	[OP1-10] Xenopus 2種の比較染色体地図から推定される四肢動物のゲノム・染色体進化とアフリカツメガエルのゲノム倍數化過程	宇野好宣
11:30~	[OP1-11] シクリッドの適応放散に貢献したB染色体	吉田 恒太
11:45~	[OP1-12] 外来生物であるヒアリ (Solenopsis invicta) が侵入地域で示す細胞生物学的変異	村上貴弘

D会場

W2会場 ワークショップ

時間	発表題目	発表者
9:00	ws1 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	[WS1-1] フナ類の有性・無性集団の遺伝子交流 箱山 洋 [WS1-2] 無融合生殖するタンポポクが運伝的多様性を創出するメカニズム 保谷彰彦
10:00	ws2 利己者と利他者の絶滅回避をめぐる適応動態	[WS2-1] みんな疲れるので、働かないアリがいいる非効率的なシステムはより長く続く 長谷川英祐 [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
11:00	ws3 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	[WS3-1] 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 [WS3-2] 生物における共生進化のダイナミクス 吉村仁 [WS3-3] 共生系個体群動態の基本モデル 森中啓一
12:00	ws4 先カンブリア時代の地球と生命進化 -1-	[WS4-1] 一代限りで使い捨てられる父親ゲノム：アイヌ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

W1会場 ワークショップ

S会場 シンポジウム

時間	発表題目	発表者
9:00	S1 先カンブリア時代の地球と生命進化 -1-	[S1-1] 新しい生命進化論：概観 丸山茂徳、岡田典弘 (東京工業大学) [S1-2] 太陽系の構造と起源 小久保英一郎 (国立天文台)
10:00	S2 先カンブリア時代の地球と生命進化 -2-	[S2-1] 生命の起源と進化 上野雄一郎 (東工大・院理)

早見表 8月3日 13:00-16:00

O会場 一般口頭発表

13:00~	【OP2-1】アーキア由来核膜閉鎖酵素におけるRNAとDNAの曖昧な認識について 金井昭夫
13:15~	【OP2-2】局所尤度と階層ベイズによる多様化圧の空間マッピング 渡部輝明
13:30~	【OP2-3】ミツバチの重複TRPチャネル遺伝子AmHsTRPAの機能と進化 河野景吾
13:45~	【OP2-4】クロシヨウジョウハエにおける抗菌ペプチド遺伝子の網羅的探索 瀬戸陽介
14:00~	【OP2-5】キイロシヨウジョウハエ種群における抗菌ペプチドDrosomycin遺伝子群の分子進化 小山あずさ
14:15~	【OP2-6】脊椎動物における筋アクチンの進化速度と生態との関係 寺門 潔
14:30~	【OP2-7】2種の酵化酵素をもつミルクフィッシュChanos chanosの卵膜分解機構とその進化 佐野香織
14:45~	【OP2-8】野生メダカ集団におけるcytochrome P450遺伝子のアレル間機能差 勝村啓史
15:00~	【OP2-9】免疫プロテオソームサブユニットPSMB8遺伝子の二型性の進化 藤戸尚子
15:15~	【OP2-10】両生類有尾目アカハライモリにおける免疫プロテオソームサブユニットPSMB8遺伝子二型性の検証 田中雄太
15:30~	【OP2-11】X染色体上のガン免疫抗原遺伝子群のゲノム構造と進化 桂有加子
15:45~	【OP2-12】 Inference for the initial stage of domain shuffling: tracing the evolutionary fate of the PIP5L retrogene in hominoids. Kazuhiko Ohshima

D会場

W2会場 ワークショップ

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
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
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
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
WS4-4	海産浮遊性フランクTONの次世代シーケンズ網羅解析による生物多様性比較 長井 敏
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
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 荻島剛一
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
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
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

W1会場 ワークショップ

WS3	生態適応と形質分化
WS3-1	好き嫌いで生じるトンブムシの適応放散 松林圭
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化する条件と複数形質への拡張について 伊藤 洋
WS3-3	ヤマハツカ属(シノ科)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
WS3-4	クロテンフユシヤクの初冬型と晩冬型の進化 山本哲史
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
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

S会場 シンポジウム

S2	先カンブリア時代の地球と生命進化 -2-
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・総合文化）
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・院生命理工）

13:00

14:00

15:00

16:00

早見表 8月3日 16:30-19:30

P会場

D会場

W2会場
ワークショップ

W1会場
ワークショップ

S会場
シンポジウム

16:30	<p>S3 カンブリア紀およびそれ以降の地球と生命進化</p> <p>[S3-1] Top ten hypotheses of Evolutionism and a new Hypothesis on Nature of Cambrian Explosion. Shu Degan (西北大学・教授)</p> <p>[S3-2] 脊椎動物の起源と進化：脊椎はどのようにして生まれたのか 佐藤矩行 (OIST、マリングノミクス・ユニット)</p> <p>[S3-3] Phylogenomic Reconstruction of the Tree of Life. ○長谷川政美1、米澤隆弘1 (1復旦大・生命)</p>	<p>ws5 統計的方法論の最前線</p> <p>[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</p> <p>[WS5-2] 分子進化のベイズ推定 岸野洋久</p> <p>[WS5-3] 配列進化の統計的モデル 徐泰健</p> <p>[WS5-4] 集団遺伝の確率モデル 間野修平</p> <p>[WS5-5] 系統樹推定におけるブートストラップ法 下平英寿</p>	<p>ws6 ゲノムから見る微生物進化</p> <p>[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</p> <p>[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</p> <p>[WS6-3] 宿主昆虫と必須共生細菌のゲノム進化 中祐淳</p> <p>[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</p> <p>[WS6-5] ゲノムから見るシロアリ腸内原生物細胞内共生細菌の機能と進化 本郷裕一</p> <p>[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</p>	<p>一般ポスター発表1</p> <p>高校生ポスター発表 (15:30-18:00)</p>
17:30				
18:30				
19:30				

早見表 8月4日 9:00-12:00

O会場 一般口頭発表

9:00~	【OP3-1】更新世の気候変動に伴う遺伝子浸透: Cardamine bellidifoliaによるミヤマタネツケバナ (Cardamine nipponica) への一方向性遺伝子浸透 池田啓
9:15~	【OP3-2】パナマ地峡の形成による海産巻貝の種分化 三浦収
9:30~	【OP3-3】東ポリネシアへの複数回にわたる独立な進出から明らかになる絶対送物共生系 (カンコンキ属、ハナホソガ属) の進化動態 David Hembray
9:45~	【OP3-4】日本に生息するカイコの野生種であるクワコ (Bombyx mandarina) の地理的分化について 行弘研司
10:00~	【OP3-5】ナカハグロトンボとコナカハグロトンボの個体群構造と遺伝的構造 菅家賢未
10:15~	【OP3-6】小笠原固有種オガサワラネアプトクワガタはどこから来たか? 松浦 宏典
10:30~	【OP3-7】複数の核遺伝子による有翅昆虫のペーサルクレードの系統解析 石渡啓介
10:45~	【OP3-8】海洋ブランチトン・浮遊性有孔虫における左右二型集団の遺伝的進化 氏家田利香
11:00~	【OP3-9】 Evolutionary History of Wild and Cultivated Asian Rice Deciphered by Gene Tree Discordance Analysis. Ching-chia Yang
11:15~	【OP3-10】栽培イネと野生イネの分子系統解析: 葉緑体DNAを用いた古イネDNA分析のリファレンス作成 熊谷真彦
11:30~	【OP3-11】海産渦巻毛藻感染性ウイルスと家畜病原性ウイルスの進化系統関係 長崎慶三
11:45~	【OP3-12】ベイズ法による種の分岐年代推定に化石制約が及ぼす影響 井上 潤

D会場 International workshop

11:00~	【WS1-1】 Changes in gene regulations for evolutionary novelties in vertebrates. Shigeru Kuratani
11:15~	【WS1-2】 The origin and evolution of the cranial sensory organs and pituitary: evidence from basal chordates. Takehiro G. Kusakabe
11:30~	【WS1-3】 Evolution of the Bl-valve bodyplan. Hirosi Wada
11:45~	【WS1-4】 Different mechanisms of dorsoventral axis formation between the fly Drosophila and the spider Achaearanea. Yasuko Akiyama-Oda
12:00~	【WS1-5】 Co-option of a conserved gene regulatory module during the evolution of flat outgrowths in arthropods. Yasuhiro Shiga
12:15~	【WS1-6】 The early embryogenesis of Polypterus (bichirs): Insights into the origin and evolution of vertebrate body plans. Masaki Takeuchi

W2会場 ワークショップ

10:00~	【WS8-1】 重複遺伝子の冗長性と異機能性 花田 耕介
10:15~	【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
10:30~	【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
10:45~	【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
11:00~	【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
11:15~	【WS8-6】 遺伝子多重化が表現型に及ぼす効果についてのバクウエイシミュレーションを用いた検討 佐藤行人
11:30~	【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
11:45~	【WS8-8】 新病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

W1会場 ワークショップ

9:00~	【WS7-1】 次世代シーケンサーを用いた日本人一個人の全ゲノムシーケンスと遺伝的多様性の包括的解析 藤本 明洋
9:15~	【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
9:30~	【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
9:45~	【WS7-4】 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

S会場 シンポジウム

9:00~	【S4-1】 植物の系統と発生進化 長谷部光泰 (基礎生物学研究所、JST、総研大)
9:15~	【S4-2】 ゲノムが読み解く生物の共通性と多様性 一神経システム の進化 - 五條福孝 (国立遺伝学研究所)
9:30~	【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 (東京工業大学)

早見表 8月4日 13:00-16:00

<p>13:00</p>	<p>S会場 シンポジウム</p> <p>S5</p> <p>生命進化と大量絶滅の役割</p> <p>[S5-1] 大量絶滅研究：新たな挑戦 磯崎行雄（東大・院総合）</p>	<p>W1会場 ワークショップ</p> <p>ws9</p> <p>ヒトはなぜ病気になるのか</p> <p>[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</p> <p>[WS9-2] 低頻度有害変異と疾患遺伝子関連研究 大橋順</p> <p>[WS9-3] クローン病アレレルの地域特異性とその進化学的考察 中込滋樹</p> <p>[WS9-4] ウイルスとヒトの進化 問野修平</p> <p>[WS9-5] 統合失調症の原因を 進化学的手法で探る 柴田弘紀</p>	<p>W2会場 ワークショップ</p> <p>ws10</p> <p>ゲノム進化学の新展開</p> <p>[WS10-1] ゲノム進化学の新展開 鈴木善幸</p> <p>[WS10-2] 脊椎動物ゲノム重複 遺伝子解析で見えられた起源が古い cis-element の機能と進化 隅山健太</p> <p>[WS10-3] イネ属近縁種の比較ゲノム進化解析 伊藤剛</p> <p>[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</p> <p>[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</p> <p>[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</p>	<p>D会場 International workshop</p> <p>IWS2</p> <p>Evolving shapes and development: Part 2</p> <p>[IWS2-1] Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers Shinichi Aota</p> <p>[IWS2-2] Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between canopy1 and engrailed2. Hisaya Kakinuma</p> <p>[IWS2-3] Evolution of vertebrate paired appendages. Mikiko Tanaka</p> <p>[IWS2-4] Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation. Koshiba-Takeuchi Kazuko</p> <p>[IWS2-5] Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs. Cheng-Ming Chung</p>	<p>O会場 一般口頭発表</p> <p>OP4</p> <p>13:00～ [OP4-1] 車輪樹法：曖昧な進化系統解析結果をどう認識するか 岩崎涉</p> <p>13:15～ [OP4-2] Statistics of Nucleotide Configurations (SNC): a New Method for Reconstruction of Phylogenetic Trees from Large Multiply Aligned Sequence Data. 斎藤成也</p> <p>13:30～ [OP4-3] 系統解析用オーソログデータセット作成法の開発 堀池徳祐</p> <p>13:45～ [OP4-4] The pea aphid, <i>Acyrtosiphon pisum</i>: an emerging model organism for ecological, developmental and evolutionary studies. 重信秀治</p> <p>14:00～ [OP4-5] 人はなぜ賢くなったのか？ 中橋涉</p> <p>14:15～ [OP4-6] 哺乳類ゲノムにおける系統特異的高度保存非コード領域の進化 眞保子 高橋</p> <p>14:30～ [OP4-7] RNA スプライシング機構の進化：スプライシング因子保存性についての網羅的解析 嶋田誠</p> <p>14:45～ [OP4-8] ピロリ菌 10 株のゲノム比較によるゲノム再編の検出 古田芳一</p> <p>15:00～ [OP4-9] tRNADB-CE を用いたメタゲノム配列データに対する新規分子系統マーカーとしての tRNA 遺伝子の利用 阿部 貴志</p> <p>15:15～ [OP4-10] マイクロRNA 遺伝子族による遺伝子制御網構成の特質 岩間久和</p> <p>15:30～ [OP4-11] 多細胞全タンパク質クラスタリングに基づく光合成生物の系統特異的タンパク質の検出と進化史の推定 佐藤直樹</p> <p>15:45～ [OP4-12] Genome Composition Database. Kirill Kryukov</p>
<p>14:00</p>	<p>W1会場 ワークショップ</p> <p>ws9</p> <p>ヒトはなぜ病気になるのか</p> <p>[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</p> <p>[WS9-2] 低頻度有害変異と疾患遺伝子関連研究 大橋順</p> <p>[WS9-3] クローン病アレレルの地域特異性とその進化学的考察 中込滋樹</p> <p>[WS9-4] ウイルスとヒトの進化 問野修平</p> <p>[WS9-5] 統合失調症の原因を 進化学的手法で探る 柴田弘紀</p>	<p>W2会場 ワークショップ</p> <p>ws10</p> <p>ゲノム進化学の新展開</p> <p>[WS10-1] ゲノム進化学の新展開 鈴木善幸</p> <p>[WS10-2] 脊椎動物ゲノム重複 遺伝子解析で見えられた起源が古い cis-element の機能と進化 隅山健太</p> <p>[WS10-3] イネ属近縁種の比較ゲノム進化解析 伊藤剛</p> <p>[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</p> <p>[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</p> <p>[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</p>	<p>D会場 International workshop</p> <p>IWS2</p> <p>Evolving shapes and development: Part 2</p> <p>[IWS2-1] Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers Shinichi Aota</p> <p>[IWS2-2] Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between canopy1 and engrailed2. Hisaya Kakinuma</p> <p>[IWS2-3] Evolution of vertebrate paired appendages. Mikiko Tanaka</p> <p>[IWS2-4] Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation. Koshiba-Takeuchi Kazuko</p> <p>[IWS2-5] Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs. Cheng-Ming Chung</p>	<p>O会場 一般口頭発表</p> <p>OP4</p> <p>13:00～ [OP4-1] 車輪樹法：曖昧な進化系統解析結果をどう認識するか 岩崎涉</p> <p>13:15～ [OP4-2] Statistics of Nucleotide Configurations (SNC): a New Method for Reconstruction of Phylogenetic Trees from Large Multiply Aligned Sequence Data. 斎藤成也</p> <p>13:30～ [OP4-3] 系統解析用オーソログデータセット作成法の開発 堀池徳祐</p> <p>13:45～ [OP4-4] The pea aphid, <i>Acyrtosiphon pisum</i>: an emerging model organism for ecological, developmental and evolutionary studies. 重信秀治</p> <p>14:00～ [OP4-5] 人はなぜ賢くなったのか？ 中橋涉</p> <p>14:15～ [OP4-6] 哺乳類ゲノムにおける系統特異的高度保存非コード領域の進化 眞保子 高橋</p> <p>14:30～ [OP4-7] RNA スプライシング機構の進化：スプライシング因子保存性についての網羅的解析 嶋田誠</p> <p>14:45～ [OP4-8] ピロリ菌 10 株のゲノム比較によるゲノム再編の検出 古田芳一</p> <p>15:00～ [OP4-9] tRNADB-CE を用いたメタゲノム配列データに対する新規分子系統マーカーとしての tRNA 遺伝子の利用 阿部 貴志</p> <p>15:15～ [OP4-10] マイクロRNA 遺伝子族による遺伝子制御網構成の特質 岩間久和</p> <p>15:30～ [OP4-11] 多細胞全タンパク質クラスタリングに基づく光合成生物の系統特異的タンパク質の検出と進化史の推定 佐藤直樹</p> <p>15:45～ [OP4-12] Genome Composition Database. Kirill Kryukov</p>	
<p>15:00</p>	<p>W1会場 ワークショップ</p> <p>ws9</p> <p>ヒトはなぜ病気になるのか</p> <p>[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</p> <p>[WS9-2] 低頻度有害変異と疾患遺伝子関連研究 大橋順</p> <p>[WS9-3] クローン病アレレルの地域特異性とその進化学的考察 中込滋樹</p> <p>[WS9-4] ウイルスとヒトの進化 問野修平</p> <p>[WS9-5] 統合失調症の原因を 進化学的手法で探る 柴田弘紀</p>	<p>W2会場 ワークショップ</p> <p>ws10</p> <p>ゲノム進化学の新展開</p> <p>[WS10-1] ゲノム進化学の新展開 鈴木善幸</p> <p>[WS10-2] 脊椎動物ゲノム重複 遺伝子解析で見えられた起源が古い cis-element の機能と進化 隅山健太</p> <p>[WS10-3] イネ属近縁種の比較ゲノム進化解析 伊藤剛</p> <p>[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</p> <p>[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</p> <p>[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</p>	<p>D会場 International workshop</p> <p>IWS2</p> <p>Evolving shapes and development: Part 2</p> <p>[IWS2-1] Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers Shinichi Aota</p> <p>[IWS2-2] Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between canopy1 and engrailed2. Hisaya Kakinuma</p> <p>[IWS2-3] Evolution of vertebrate paired appendages. Mikiko Tanaka</p> <p>[IWS2-4] Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation. Koshiba-Takeuchi Kazuko</p> <p>[IWS2-5] Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs. Cheng-Ming Chung</p>	<p>O会場 一般口頭発表</p> <p>OP4</p> <p>13:00～ [OP4-1] 車輪樹法：曖昧な進化系統解析結果をどう認識するか 岩崎涉</p> <p>13:15～ [OP4-2] Statistics of Nucleotide Configurations (SNC): a New Method for Reconstruction of Phylogenetic Trees from Large Multiply Aligned Sequence Data. 斎藤成也</p> <p>13:30～ [OP4-3] 系統解析用オーソログデータセット作成法の開発 堀池徳祐</p> <p>13:45～ [OP4-4] The pea aphid, <i>Acyrtosiphon pisum</i>: an emerging model organism for ecological, developmental and evolutionary studies. 重信秀治</p> <p>14:00～ [OP4-5] 人はなぜ賢くなったのか？ 中橋涉</p> <p>14:15～ [OP4-6] 哺乳類ゲノムにおける系統特異的高度保存非コード領域の進化 眞保子 高橋</p> <p>14:30～ [OP4-7] RNA スプライシング機構の進化：スプライシング因子保存性についての網羅的解析 嶋田誠</p> <p>14:45～ [OP4-8] ピロリ菌 10 株のゲノム比較によるゲノム再編の検出 古田芳一</p> <p>15:00～ [OP4-9] tRNADB-CE を用いたメタゲノム配列データに対する新規分子系統マーカーとしての tRNA 遺伝子の利用 阿部 貴志</p> <p>15:15～ [OP4-10] マイクロRNA 遺伝子族による遺伝子制御網構成の特質 岩間久和</p> <p>15:30～ [OP4-11] 多細胞全タンパク質クラスタリングに基づく光合成生物の系統特異的タンパク質の検出と進化史の推定 佐藤直樹</p> <p>15:45～ [OP4-12] Genome Composition Database. Kirill Kryukov</p>	
<p>16:00</p>	<p>W1会場 ワークショップ</p> <p>ws9</p> <p>ヒトはなぜ病気になるのか</p> <p>[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</p> <p>[WS9-2] 低頻度有害変異と疾患遺伝子関連研究 大橋順</p> <p>[WS9-3] クローン病アレレルの地域特異性とその進化学的考察 中込滋樹</p> <p>[WS9-4] ウイルスとヒトの進化 問野修平</p> <p>[WS9-5] 統合失調症の原因を 進化学的手法で探る 柴田弘紀</p>	<p>W2会場 ワークショップ</p> <p>ws10</p> <p>ゲノム進化学の新展開</p> <p>[WS10-1] ゲノム進化学の新展開 鈴木善幸</p> <p>[WS10-2] 脊椎動物ゲノム重複 遺伝子解析で見えられた起源が古い cis-element の機能と進化 隅山健太</p> <p>[WS10-3] イネ属近縁種の比較ゲノム進化解析 伊藤剛</p> <p>[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</p> <p>[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</p> <p>[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</p>	<p>D会場 International workshop</p> <p>IWS2</p> <p>Evolving shapes and development: Part 2</p> <p>[IWS2-1] Evolutionary studies on the vertebrate central nervous system: evidence for "new" signaling centers Shinichi Aota</p> <p>[IWS2-2] Emergence of the cerebellum is correlated with the establishment of a close linkage between canopy1 and engrailed2. Hisaya Kakinuma</p> <p>[IWS2-3] Evolution of vertebrate paired appendages. Mikiko Tanaka</p> <p>[IWS2-4] Vertebrate heart evolution -Molecular mechanism of cardiac septum formation. Koshiba-Takeuchi Kazuko</p> <p>[IWS2-5] Evo-Devo of Amniote Ectodermal Organs. Cheng-Ming Chung</p>	<p>O会場 一般口頭発表</p> <p>OP4</p> <p>13:00～ [OP4-1] 車輪樹法：曖昧な進化系統解析結果をどう認識するか 岩崎涉</p> <p>13:15～ [OP4-2] Statistics of Nucleotide Configurations (SNC): a New Method for Reconstruction of Phylogenetic Trees from Large Multiply Aligned Sequence Data. 斎藤成也</p> <p>13:30～ [OP4-3] 系統解析用オーソログデータセット作成法の開発 堀池徳祐</p> <p>13:45～ [OP4-4] The pea aphid, <i>Acyrtosiphon pisum</i>: an emerging model organism for ecological, developmental and evolutionary studies. 重信秀治</p> <p>14:00～ [OP4-5] 人はなぜ賢くなったのか？ 中橋涉</p> <p>14:15～ [OP4-6] 哺乳類ゲノムにおける系統特異的高度保存非コード領域の進化 眞保子 高橋</p> <p>14:30～ [OP4-7] RNA スプライシング機構の進化：スプライシング因子保存性についての網羅的解析 嶋田誠</p> <p>14:45～ [OP4-8] ピロリ菌 10 株のゲノム比較によるゲノム再編の検出 古田芳一</p> <p>15:00～ [OP4-9] tRNADB-CE を用いたメタゲノム配列データに対する新規分子系統マーカーとしての tRNA 遺伝子の利用 阿部 貴志</p> <p>15:15～ [OP4-10] マイクロRNA 遺伝子族による遺伝子制御網構成の特質 岩間久和</p> <p>15:30～ [OP4-11] 多細胞全タンパク質クラスタリングに基づく光合成生物の系統特異的タンパク質の検出と進化史の推定 佐藤直樹</p> <p>15:45～ [OP4-12] Genome Composition Database. Kirill Kryukov</p>	

早見表 8月5日 9:00-12:00

<p>S会場 シンポジウム</p> <p>S6</p> <p>有羊膜類から人類誕生まで</p> <p>[S6-1] 中—新生代の大陸移動と爬虫類の進化 熊澤慶伯 (名大・院システム自然科学)</p> <p>[S6-2] 大陸移動と哺乳類の進化 ○西原秀典1、丸山茂徳2、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工、2東工大・院理工)</p> <p>[S6-3] 人類の進化と文明史 馬場悠男 (科博・名誉研究員)</p> <p>[S6-4] 系外惑星学の新展開：スーパー地球 生駒大洋 (東工大・院理)</p>	<p>W1会場 ワークショップ</p> <p>ws11</p> <p>生命の起原と初期進化</p> <p>[WS11-1] 宇宙での円偏光と鏡像異性体の起原 田村元秀</p> <p>[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</p> <p>[WS11-3] 自律的に成長・分裂する脂質膜 豊田太郎</p> <p>[WS11-4] 核酸塩基の起源—人工塩基対の創出 平尾一郎</p> <p>[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 木質大介</p> <p>[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</p>	<p>W2会場 ワークショップ</p> <p>ws12</p> <p>生態—進化—発生の階層を結ぶ統合的理解へのゆらぎ理論 金子邦彦</p> <p>[WS12-1] 可塑性と遺伝的同化のゆらぎ理論 金子邦彦</p> <p>[WS12-2] 遺伝子発現の適応 四方哲也</p> <p>[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</p> <p>[WS12-4] 個体の可塑性もたらす形態淘汰：捕食者-被食者系で考える 岸田治</p> <p>[WS12-5] 枯葉に擬態した蛾・蝶の翅模様にみられるグラウンドプランと形態統合 鈴木善保</p>	<p>D会場 International workshop</p> <p>IWS3</p> <p>Evolutionary Studies of Organisms from Genomic Structure and Function</p> <p>[IWS3-1] Resequencing of entire major histocompatibility complex regions to identify haplotype structure. Kazuyoshi Hosomichi</p> <p>[IWS3-2] THE EVOLUTIONARY ORIGIN OF ISOCHORES: SOME NEW FACTS, SOME NEW IDEAS. Giorgio Bernardi</p> <p>[IWS3-3] New regulatory mechanism found through transcriptome analysis. 林崎 良英</p> <p>[IWS3-4] Transcriptome analysis and Informatics for the data of next generation sequencers. Kazuho Ikeo</p> <p>[IWS3-5] Diversity and Evolution of Human Alternative Splicing. Tadashi Imanishi</p> <p>[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. Oleg Gusev</p>	<p>O会場 一般口頭発表</p> <p>OP5</p> <p>9:00～ [OP5-1] 偽遺伝子化と人類進化 颯田葉子</p> <p>9:15～ [OP5-2] ミトコンドリアDNAから見たメソアメリカ地域先住民集団-1 水野文月</p> <p>9:30～ [OP5-3] ミトコンドリアDNAから見たメソアメリカ地域先住民集団-2 五條姫淳</p> <p>9:45～ [OP5-4] Swadesh基礎100語彙中の身体部分名称の比較に基づくコーンア諸言語の南島語族起源性 大西耕二</p> <p>10:00～ [OP5-5] チンパンジーとヒトの目の動きの種差 狩野文浩</p> <p>10:15～ [OP5-6] 変動選択と内在的制約による遺伝子制御ネットワークの進化 津田真樹</p> <p>10:30～ [OP5-7] 表現型可塑性の共進化：誘導攻撃が誘導防御よりまれなわけ 舞木昭彦</p> <p>10:45～ [OP5-8] ハナマの毒ガエルの体色分化を説明する量的遺伝モデル：配偶者選択はランダムドリフトを強化するか？ 藤佐 庸</p> <p>11:00～ [OP5-9] ヴォルバキア感染による性比の偏りが宿主集団の遺伝的多様性に与える影響についての理論的研究 小林 豊</p> <p>11:15～ [OP5-10] アブラムシの生活史多型を担う幼若ホルモンを介した発生理機構 石川麻乃</p> <p>11:30～ [OP5-11] 性的対立がもたらす頻度依存選択：少数者利益と型比の進化的動態 高橋祐禧</p> <p>11:45～ [OP5-12] 生態適応に伴う植物間相互作用の変化 鈴木亮</p>
---	--	---	---	--

9:00

10:00

11:00

12:00

早見表 8月5日 13:00-16:00

P会場

D会場

W2会場
ワークシヨップ

W1会場
ワークシヨップ

S会場
シンポジウム

<p>S7 宇宙から地球を探す</p> <p>[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1, 上野雄一郎 1. 生駒大洋1 (1東工大・院理工)</p> <p>[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・院理)</p> <p>[S7-3] 総合討論 丸山成徳 (東京工業大学)</p>	<p>ws13 進化発生学の新たな地平をめざして</p> <p>[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</p> <p>[WS13-2] 多細胞動物の体制進化の比較ゲノム学 川島 武士</p> <p>[WS13-3] 表現型可塑性に見られる発生生理機構のコオプシヨン 三浦徹</p> <p>[WS13-4] 進化的キャパシタターの探察：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</p> <p>[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</p>	<p>ws14 Phylogenetic methods and thinking in cultural evolutionary studies</p> <p>[WS14-1] A brief history of phylogenetic methods in cultural evolutionary studies: An introduction. NAKAO Hisashi</p> <p>[WS14-2] The roots of cultural phylogenetics and the universal tree-thinking. Nobuhiro Minaka</p> <p>[WS14-3] Using phylogenetic comparative methods to test hypotheses about the pattern and process of human cultural evolution. Tom Currie</p> <p>[WS14-4] Phylogenetic approach to "Wakuraba (老葉)" --an anthology of "Renga" by Sohgi, Tamaki YANO</p> <p>[WS14-5] Analyzing the development and evolution / origins of potpourri elements of 19th century Japanese Giyofu (pseudo western style) architecture using G. Kubler's. 中谷礼仁</p>	<p>一般ポスター発表2</p>
--	---	--	------------------

13:00

14:00

15:00

16:00