

日本進化学会 年大会

第24回 沼津大会

日程：2022年8月4日(木)～8月7日(日)

会場：プラサヴェルデ (JR沼津駅北口)・国立遺伝学研究所*

*8月4日のみ

共催：文部科学省新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」

講演要旨集



日本進化学会 第24回沼津大会

Society for Evolutionary Studies, Japan
The 24th Annual Meeting at Numazu

講演要旨集 目次

大会日程 概要	2
大会日程 詳細	3~5
会場案内	6~7
お知らせ	8~9
2022年度進化学会賞受賞者	9
2022年度進化学会研究奨励賞・教育啓発賞受賞者	10
Plenary Lectures	11~13
公開講演会	14~15
進化学夏の学校	16
一般シンポジウム 概要	17
一般シンポジウム S1-S10	18~27
口頭発表 概要	28
口頭発表 一覧	28~36
一般ポスター発表 一覧	28~47
高校生ポスター発表 一覧	48
口頭発表 要旨	49~62
一般ポスター発表 要旨	63~86
一般シンポジウム 要旨	87~96
準備委員会	97
文部省学術領域研究「ヤポネシアゲノム」のご紹介	98

大会日程 概要

2022年8月4日（木）会場：国立遺伝学研究所 ゲストハウス2階セミナー室

13:00-17:00 進化学夏の学校

2022年8月5日（金）会場：プラサヴェルデ

8:30 受付開始

9:00-15:00 一般ポスター発表

9:00-11:00 口頭発表A・口頭発表B

10:00-12:00 一般シンポジウムS1・一般シンポジウムS2

11:00-12:00 口頭発表C

12:00-13:00 昼食休憩

12:00-14:00 ポスター発表コアタイム（1）

12:00-13:00 奇数番号 13:00-14:00 偶数番号

13:00-15:00 口頭発表D・口頭発表E

13:00-15:00 一般シンポジウムS3・一般シンポジウムS4

15:10-17:00 総会

17:00-18:00 学会賞・研究奨励賞 授賞式

18:00-19:00 学会賞受賞講演

19:30-21:00 進化学ナイトセッション

2022年8月6日（土）会場：プラサヴェルデ

9:00-12:00 高校生ポスター発表

9:00-17:00 一般ポスター発表

9:00-12:00 口頭発表F・口頭発表G・口頭発表H

10:00-12:00 一般シンポジウムS5・一般シンポジウムS6・一般シンポジウムS7

12:00-13:00 昼食休憩

12:00-14:00 ポスター発表コアタイム（2）

12:00-13:00 偶数番号 13:00-14:00 奇数番号

13:00-15:00 口頭発表I・口頭発表J

13:00-15:00 一般シンポジウムS8・一般シンポジウムS9・一般シンポジウムS10

15:05-17:30 Plenary Lectures

18:00-18:30 発表賞の表彰

18:00-20:00 懇親会（弁当配布）

2022年8月7日（土）会場：プラサヴェルデ

10:00-11:12 口頭発表K

14:00-16:30 公開講演会

大会日程 詳細

2022年8月4日（木）会場：国立遺伝学研究所 ゲストハウス2階セミナー室

13:00-17:00 進化学夏の学校

講師：斎藤成也（国立遺伝学研究所 特任教授）

内容：今年末ごろに共立出版から刊行される『ゲノム進化学』（斎藤成也著）をテキストにして、ゲノム進化について講義する。

13:00-14:00 『ゲノム進化学』第一部「進化は生物学を統合する」の説明；第4章「生命の歴誌」を中心に

14:00-14:10 休憩

14:10-15:10 『ゲノム進化学』第二部「ゲノム進化のメカニズム」の説明；第6章「系統樹」と第8章「ゲノムの長期進化」を中心に

15:10-15:20 休憩

15:20-16:20 『ゲノム進化学』第三部「ゲノム進化の研究法」の説明；第11章「系統樹の復元」と第12章「集団進化史の解析」を中心に

16:20-16:30 休憩

16:30-17:00 質疑応答

2022年8月5日（金）会場：プラサヴェルデ

8:30 受付開始

9:00-15:00 一般ポスター発表（部屋：コンベンションホールA前のホワイエ）

9:00-10:00 口頭発表A-1～A-5（部屋：コンベンションホールA）

10:00-11:00 口頭発表B-1～B-5（部屋：コンベンションホールA）

10:00-12:00 一般シンポジウムS1「原がん遺伝子の進化による役割の変化」（部屋：301会議室）

10:00-12:00 一般シンポジウムS2「全ゲノム情報で紐解く非モデル生物研究」（部屋：コンベンションホールB）

11:00-12:00 口頭発表C-1～C-5（部屋：コンベンションホールA）

12:00-13:00 昼食休憩

12:00-14:00 ポスター発表コアタイム（1）

12:00-13:00 奇数番号 13:00-14:00 偶数番号

13:00-14:00 口頭発表D-1～D-5（部屋：コンベンションホールA）

14:00-15:00 口頭発表E-1～E-5（部屋：コンベンションホールA）

13:00-15:00 一般シンポジウムS3「更新世の大型絶滅動物のancient DNA解析への挑戦」（部屋：コンベンションホールB）

13:00-15:00 一般シンポジウムS4「進化の情報理論-低雑音環境のS/N利得が共生進化を生み出す-」（部屋：301会議室）

15:10-17:00 総会（部屋：コンベンションホールA）

17:00-18:00 学会賞・研究奨励賞 授賞式（部屋：コンベンションホールA）

18:00-19:00 学会賞受賞講演 河村正二（部屋：コンベンションホールA）

19:30-21:00 進化学ナイトセッション（部屋：302会議室）

2022年8月6日（土）会場：プラサヴェルデ

9:00-12:00 高校生ポスター発表（部屋：コンベンションホールA前のホワイエ）

9:00-17:00 一般ポスター発表（部屋：コンベンションホールA前のホワイエ）

9:00-10:00 口頭発表F-1～F-5（部屋：コンベンションホールA）

10:00-11:00 口頭発表G-1～G-5（部屋：コンベンションホールA）

11:00-12:00 口頭発表H-1~H-5 (部屋：コンベンションホールA)
 10:00-12:00 一般シンポジウムS5 “Evolutionary informatics in the era of sequence data deluge” (部屋：コンベンションホールB)
 10:00-12:00 一般シンポジウムS6 「音響進化の新展開」 (部屋：302会議室)
 10:00-12:00 一般シンポジウムS7 「“ゲノム”の不均一性が駆動する遺伝子進化」 (部屋：301会議室)
 12:00-13:00 昼食休憩
 12:00-14:00 ポスター発表コアタイム (2)
 12:00-13:00 偶数番号 13:00-14:00 奇数番号
 13:00-14:00 口頭発表I
 13:00-15:00 一般シンポジウムS8 「ヤポネシア人が食べてきた植物のゲノム解析」 (部屋：コンベンションホールB)
 13:00-15:00 一般シンポジウムS9 「マルチプルアラインメントの進化~MAFFT発表から20年を経て~」 (部屋：301会議室)
 13:00-15:00 一般シンポジウムS10 「構成的実験手法で解き明かす生命現象の進化的起源」 (部屋：302会議室)
 14:00-15:00 口頭発表J
 15:05-17:30 Plenary Lectures (部屋：コンベンションホールA)
 15:05-15:10 Opening remark
 15:10-15:55 Professor Axel Meyer, Univ. Konstanz, Germany
 Title: Genomics of parallel adaptations and sympatric speciation
 15:55-16:40 Professor Takashi Gojobori, KAUST, Saudi Arabia
 Title: Comparative marine metagenomics of parallel adaptations and sympatric speciation
 16:40-17:25 Professor Shinya Miyagishima, National Institute of Genetics, Japan
 Title: Understanding the origin and evolution of photosynthetic eukaryotes focusing on oxidative stress
 17:25-17:30 Closing remark
 18:00-18:30 発表賞の表彰 (部屋：コンベンションホールA)
 18:00-20:00 懇親会 (コンベンションホールAにて弁当配布)

2022年8月7日 (日) 会場：プラサヴェルデ

10:00-11:12 口頭発表K-1~K-6 (部屋：コンベンションホールA)
 14:00-16:30 公開講演会 (部屋：コンベンションホールA)
 14:00-14:05 はじめに
 14:05-14:40 篠田謙一 (国立科学博物館 館長)
 タイトル：ゲノムでわかった日本人の起源
 14:40-15:15 佐藤洋一郎 (ふじのくに地球環境史ミュージアム 館長)
 タイトル：イネはどのように日本社会に受け入れられるようになったか
 15:15-15:50 井ノ上逸朗 (国立遺伝学研究所人類遺伝研究室 教授)
 タイトル：新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) のゲノム解析からわかる感染動向
 15:50-16:25 寺井洋平 (総合研究大学院大学先端科学研究科 助教)
 タイトル：ヤポネシアは古い系統の貯蔵庫: ニホンオオカミと古代犬から探るイヌの起源
 16:25-16:30 おわりに

日 程 表

8月4日(木)遺伝研 ゲストハウス2F		8月5日(金) プラサヴェルデ				8月6日(土) プラサヴェルデ				8月7日(日)プラサヴェルデ				
時間		1Fホワイエ	1FホールA	3FホールB	3F301	3F302	1Fホワイエ	1FホールA	3FホールB	3F301	3F302			
8		8:30 受付開始												8:30 受付開始
9		8:30 受付開始												口頭発表K
10		ポスター発表		口頭発表A		シンポジウムS2 全ゲノム情報で 紐解く非モデル 生物研究	シンポジウムS1 原がん遺伝子の 進化による役割 の変化		シンポジウムS5 Evolutionary informatics in the era of sequence data deluge		シンポジウムS7 “ゲノムの場”の 不均一性が駆動 する遺伝子進化	シンポジウムS6 音響進化学の新 展開		
11				口頭発表B				口頭発表H						
12		ポスターコアタ イム(1) 奇数 12:00-13:00 偶数 13:00-14:00		屋食欲		屋食欲		12:15高校生ポス ター授賞式		屋食欲				
13				口頭発表D		シンポジウムS3 更新世の大型絶 滅動物の ancient DNA解析への挑 戦	シンポジウムS4 進化の情報理論 ー低雑音環境のS /N利得が共生進 化を生み出す		シンポジウムS8 ヤポネシア人が 食べてきた植物 のゲノム解析		シンポジウムS9 マルチブルアラ インメントの進 化～MAFFT発表 から20年を経て ～	シンポジウムS10 構成的実験手法 で解き明かす生 命現象の進化的 起源		
14				口頭発表E				口頭発表J				公開講演会		
15	進化学夏の学校			15:10 総会				15:05 Plenary Lecture						
16														
17				学会賞 研究奨励賞 発表賞 授賞式										
18				学会賞 受賞講演				懇親会 弁当配布						
19														
20						進化学ナイトセ ッション								
21														

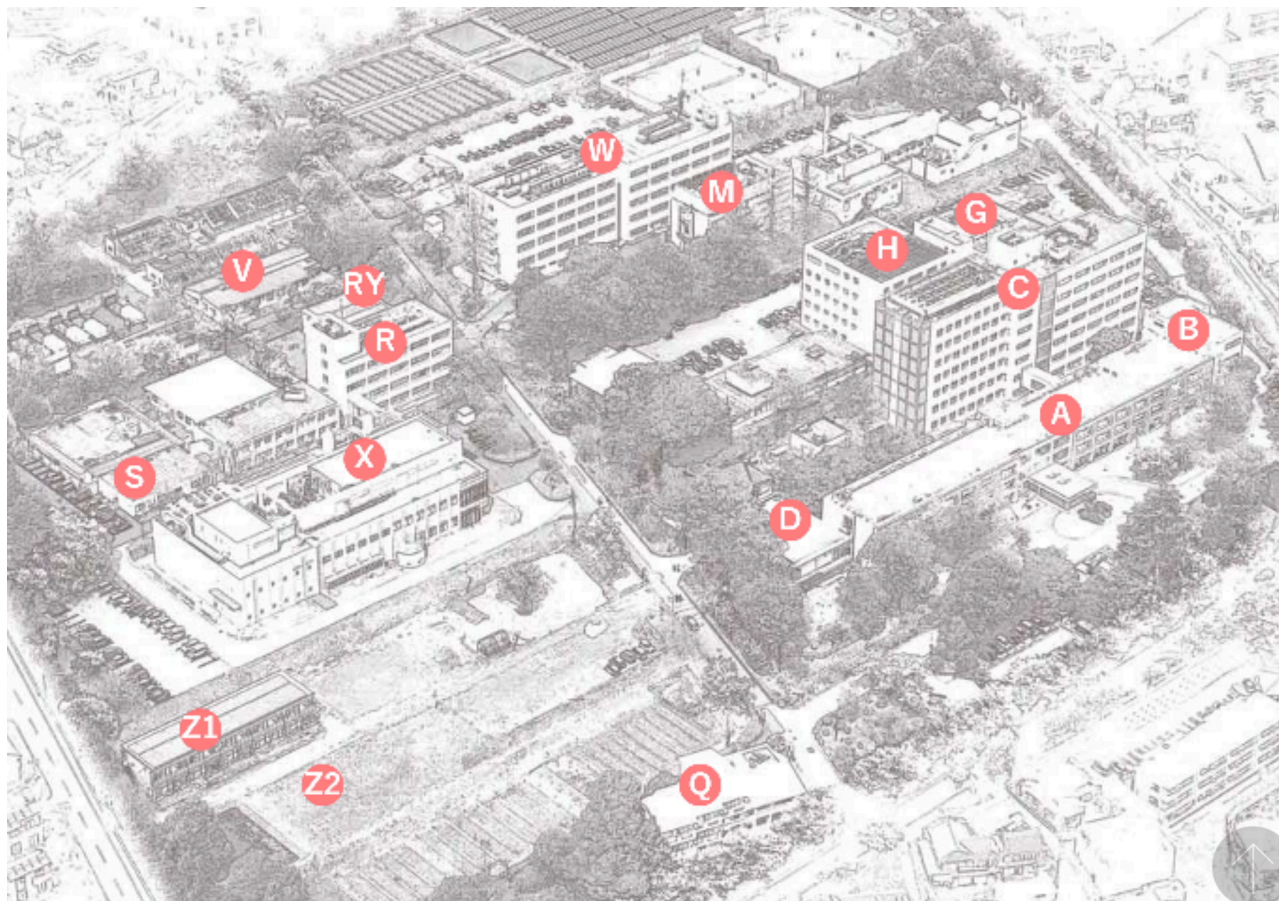
進化学ナイトセ
ッション

会場案内

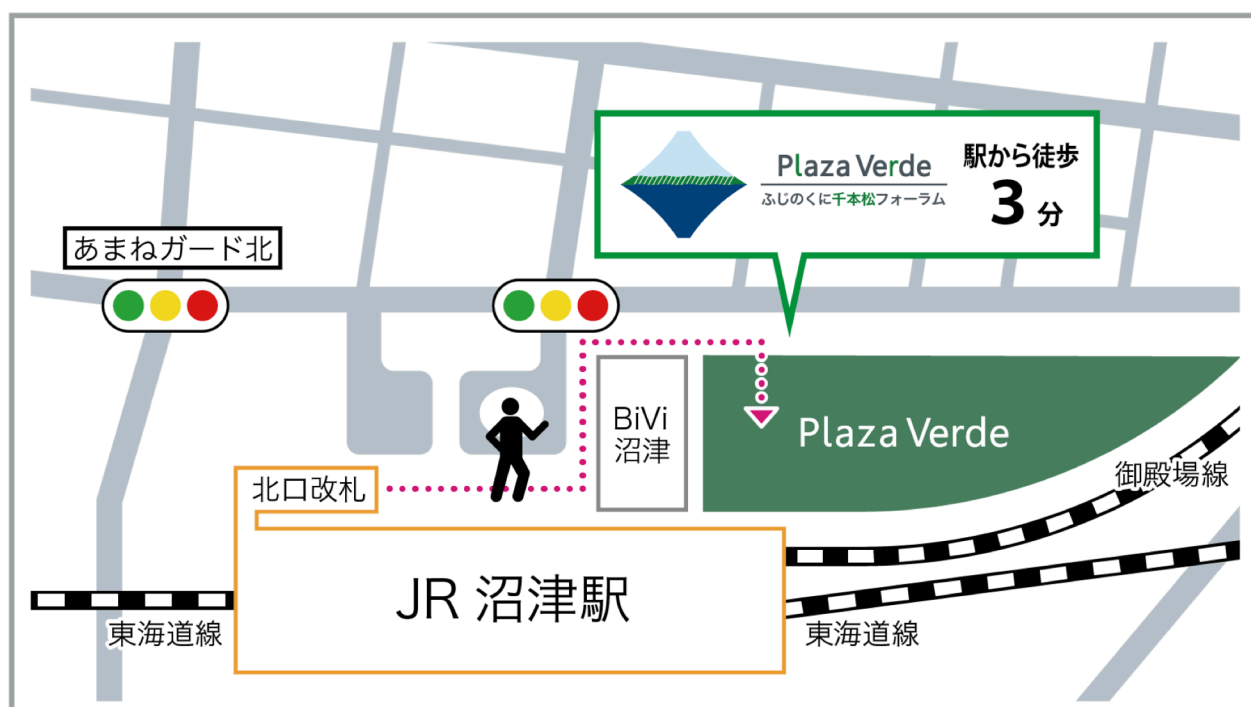
国立遺伝学研究所 ゲストハウス（研究員宿泊施設）

下は国立遺伝学研究所全体の鳥瞰図です。

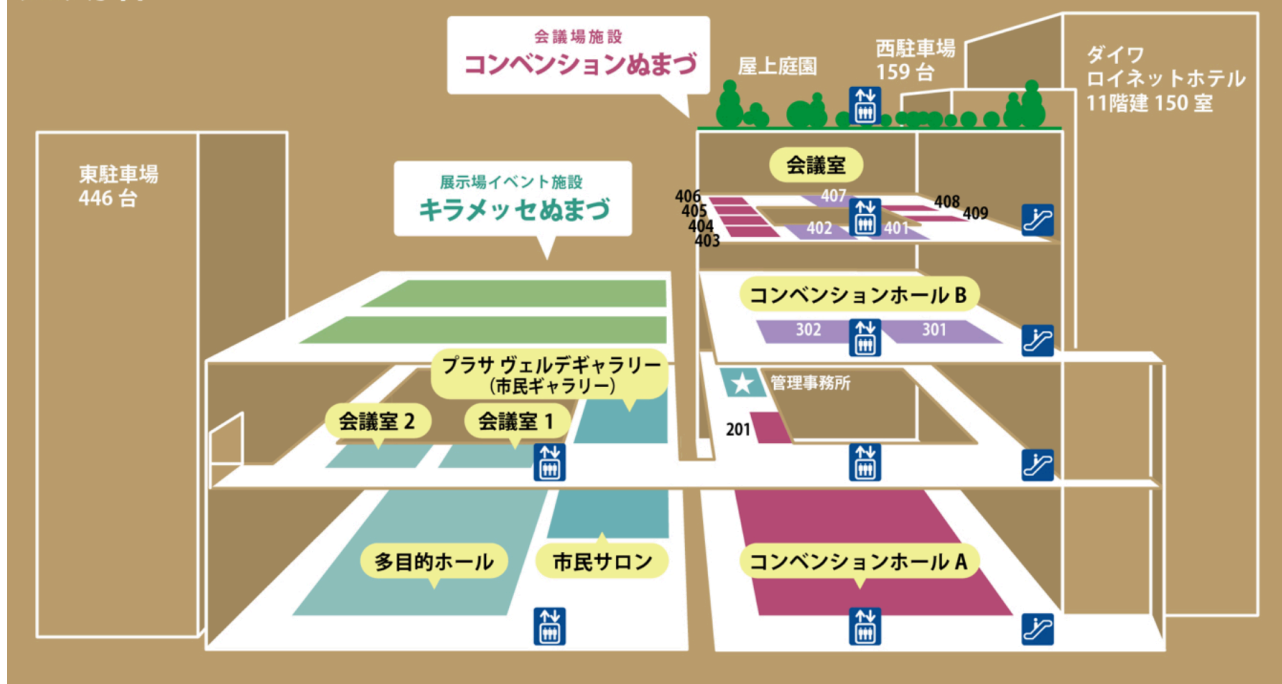
建物Qがゲストハウスです。



プラサヴェルデ



Floor Guide フロアガイド



<進化学会大会で使用する部屋>

コンベンションホール A (1 階)

コンベンションホール A の前のホワイエ (1 階)

コンベンションホール B (3 階)

301 会議室 (3 階)

302 会議室 (3 階)

お知らせ

★大会ホームページ：http://www.saitou-naruya-laboratory.org/meetings/SESJ_2022_Numazu.html

★今年の大会は対面とオンラインのハイブリッドでおこないます

昨年の大会は完全オンラインでしたが、今年は対面を中心としたハイブリッド方式といたします。発表される方は、原則として全員沼津の会場においでください。また参加費は対面でもオンラインでも同額です。8月7日の午後におこなう公開講演会は対面のみで参加費は無料です。

★新型コロナウイルス感染拡大への対応

現在日本中で新型コロナウイルスの感染が急拡大しております。大会に対面参加の方は、常時マスクを着用し、会場のあちこちに設置されたアルコール消毒ボトルをお使いください。大会の会場はどれも十分な広さがありますので、席と席の間隔をあけてお座り下さい。検温にもご協力下さい。

また8月6日の懇親会は、ひとつの会場に多数の方が集まるのを避けるために、弁当箱を用意することにしました。懇親会参加証（参加費と懇親会費を納入された方に郵送します）と引き換えに、コンベンションホールAで、お飲み物とともにお渡しします。コンベンションホールA、コンベンションホールB、301会議室、302会議室、あるいはポスターが展示されるコンベンションホールA前のホワイエに分散して会食してください。弁当箱を持ち帰っていただいてもけっこうです。

★熱中症にお気を付け下さい

大会が開催される8月4日から8月7日は、沼津・三島地区は連日最高気温が30度を超えると予想されております。会場内はしっかり冷房が効いておりますが、会場までの戸外での移動の際には、暑さに十分お気を付けください。

★大会で対面参加を予定されている方へ（宿泊先に関するお知らせ）

8月7日（日）に沼津でトライアスロン大会が予定されているため、すでに沼津市内および三島市内のホテルはほとんど予約がされている状況です。会場となるプラサヴェルデは沼津駅からすぐのところにありますので、すこし離れますが、熱海や富士など周辺の地域に宿泊の予約をお願いします。

沼津市のホテルまたは民宿に宿泊する方へ：チェックアウト時に宿泊証明書をいただってください。大会受付にお持ちください。後日、メールで事務局（yaponesia_genome@nig.ac.jp）にご提出していただいてもかまいません。沼津市からの助成申請に必要なため、ご協力をお願いいたします。

★大会会場へのアクセス

国立遺伝学研究所（<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/>）は、J R 三島駅からバス・タクシーで15分程度です。無料のシャトルバスも運行されています（時刻表：<https://www.nig.ac.jp/nig/pdf/access/busJ-NIG.pdf>）。プラサヴェルデ（<https://www.plazaverde.jp>）は、J R 沼津駅北口から徒歩3分のところにあります。

★一般シンポジウム講演者・一般口頭発表者の皆さまへ

各会場にPC (Macintosh または Windows) を設置いたします。講演者は発表内容のスライドをパワーポイントまたはPDFで作成し、USBメモリーにコピーしご持参ください。

一般シンポジウムの進行は、シンポジウム企画者の方にゆだねています。各企画者は、決められた時間内に終了するように進行してください。一般口頭発表の進行は、発表者の中から事務局がお願いした司会におこなっていただきます。一般口頭発表は1講演あたり全体で12分です。

★ポスター発表をされる皆様へ

- ・ポスターパネルのサイズは（幅90cm、高さ2メートル）です。
- ・ポスターパネルが設置されているコンベンションホールA前のホワイエに設置してください。
- ・ポスター発表コアタイムは、第1回を8月5日に、第2回を8月6日に設定しました。どちらの日も時間帯は12:00-14:00で、8月5日は奇数番号は12:00-13:00、偶数番号は13:00-14:00、8月6日は奇数番号は13:00-14:00、偶数番号は12:00-13:00です。

★一般的な注意事項

- ・発表中の写真撮影、録画、録音、ポスターの撮影などは禁止です。
- ・受付で大会参加章をお渡ししますので、会場では常に身に付けてください。
- ・館内や会場内では他のお客様と密にならないよう間隔をとっていただきますようお願いいたします。
- ・発熱または風邪の症状がある場合には来館をお控えください。またそのような状況が見受けられた場合、スタッフがお声をかけ、退館をお願いする場合がございますのでご了承ください。
- ・昼食を食べるところは、プラサヴェルデの内外にあります。5頁の「会場案内」を参照下さい。

★託児所を希望された方は1名だけでしたので、その方のみ対応しました。

★日本進化学会ニュース（<http://sesj.kenkyuukai.jp/special/?id=1450>）にこの大会のお知らせが掲載されました

2022年度 進化学会賞受賞者

河村 正二

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 教授

霊長類および魚類の色覚多様性の統合進化生物学

くわしくは以下のURLをご覧ください：

<http://sesj.kenkyuukai.jp/special/?id=38394>

受賞講演

日時：8月5日（金）18:00-19:00

場所：プラサヴェルデのコンベンションホールA

河村正二先生には、公益信託進化学振興木村資生基金から
「木村賞」も授与されます。

2022年度 進化学会研究奨励賞 受賞者

後藤 龍太郎（京都大学）

海産無脊椎動物の進化、適応、種分化に関する研究

齊藤 真理恵（Norwegian University of Life Sciences）

多面的なゲノム解析による進化解析

東山 大毅（東京大学）

複雑な構造から解読する脊椎動物の形態進化

水内 良（東京大学）

分子複製システムの実験進化に関する研究

2022年度 進化学会教育啓発賞 受賞者

「ゆるふわ生物学」構成メンバー

（黒木 健、栗原 沙織、三上 智之、坂本 莉沙、迫野 貴大、田中 颯、宮本 通）

「ゆるふわ生物学」の活動による進化学普及への貢献

くわしくは以下のURLをご覧ください：

<http://sesj.kenkyuukai.jp/special/?id=38394>

Plenary Lectures

Time: 15:05-17:30, Saturday, August 6th, 2022

Venue: Convention Hall A, Plaza Verde, Numazu

15:05-15:10 Opening remark by Naruya Saitou, NIG

15:10-15:55 Professor Axel Meyer

University of Konstanz, Germany

Title: Genomics of parallel adaptations and sympatric speciation

The transition from ‘well-marked varieties’ of a single species into ‘well-defined species’—especially in the absence of geographic barriers to gene flow (sympatric speciation)—has puzzled evolutionary biologists ever since Darwin. Gene flow is expected to counteract the buildup of genome-wide differentiation, the hallmark of speciation and increases the likelihood of the evolution of irreversible reproductive barriers (incompatibilities) that complete the process of speciation. Theory predicts that the genetic architecture of divergently selected traits can influence whether sympatric speciation occurs, but empirical tests of this theory are



scant because comprehensive data are difficult to collect and synthesize across species, owing to their unique biologies and evolutionary histories. Within a young species complex of Neotropical cichlid fishes (*Amphilophus* spp.), we analyzed genomic divergence among populations and species across several crater lakes in Nicaragua where repeatedly and parallel several species originated in these isolated small lakes. Also, several adaptations such as hypertrophied lips, differences in dentition, coloration and body shapes evolved convergently in these lakes. By generating a new genome assembly and re-sequencing 453 genomes, we uncovered the repeated genetic architecture of traits, that have been suggested to be important for divergence. Species that differ in monogenic or oligogenic traits that affect ecological performance and/or mate choice show remarkably localized genomic differentiation. By contrast, differentiation among species that have diverged in polygenic traits is genomically widespread and much higher overall, consistent with the evolution of effective and stable genome-wide barriers to gene flow. Thus, we conclude that simple trait architectures are not always as conducive to speciation with gene flow as previously suggested, whereas polygenic architectures can promote rapid and stable speciation in sympatry.

15:55-16:40 Professor Takashi Gojobori

Computational Bioscience Research Center (CBRC), King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), The Kingdom of Saudi Arabia (KSA)
and
Marine Open Innovation Institute (MaOI), Shimizu-ku, Shizuoka, Japan

Title: Comparative marine metagenomics of parallel adaptations and sympatric speciation

Taking samples of the seawater at the Ofunato Bay, Iwate, on the Pacific Ocean side of Japan and near Thuwal of the Red Sea along Saudi Arabia for more than five years, we have conducted time-series studies of comparative marine metagenomics with the aim of monitoring dynamic changes of microbial diversities over time to understand evolutionary mechanisms of environmental adaptation for microbes in these two sea regions of the different environments. As a result, we have obtained a number of interesting features in the time-change of microbial diversity, including clear



seasonal changes, particularly on the Pacific Ocean side of Japan. We have also observed that the sea temperature is one of the critical parameters that strongly influence a pattern of microbial diversity. Moreover, incorporating all the currently-available metagenomic data, including those from two global expeditions, *Tara Oceans* and *Malaspina*, which circumnavigated the oceans sampled into our data, we constructed a so-called Global Ocean “gene” catalog database, which contains about one billion non-redundant “genes.” Using this vast metagenomic database, we evaluated the distribution of marine microbial “genes” in six primary biomes from an evolutionary point of view. In the present lecture, I will discuss the evolutionary mechanisms for marine microbial diversities, showing the overview of the outcome of our studies as well as the significance of the “gene” catalogs for various utilities.

16:40-17:25 Professor Shinya Miyagishima

National Institute of Genetics, Japan

Title: Understanding the origin and evolution of photosynthetic eukaryotes focusing on oxidative stress

Oxygen-evolving photosynthesis was established in cyanobacteria around three billion years ago and was then introduced into eukaryotes more than one billion years ago by the establishment of the chloroplast through cyanobacterial endosymbiosis. Subsequently, chloroplasts were further integrated into several eukaryotic lineages by secondary endosymbiotic events of eukaryotic algae into previously non-photosynthetic eukaryotes, spreading photosynthetic ability to diverse groups of organisms and environments. Several evidences suggest that these endosymbiotic acquisition of chloroplasts by eukaryotes occurred through the phagotrophic ingestion of photosynthetic prey, transient retention, and ultimately obligate retention of photosynthetic endosymbionts by unicellular eukaryotes. While photosynthesis in the chloroplast converts light energy into chemical potential and provides photosynthetic products to eukaryotic host cells, it also



generates reactive oxygen species that damage host cells. Therefore, algae and plants have evolved various mechanisms to cope with the photosynthetic oxidative stress; these were probably prerequisites for eukaryotes to acquire chloroplasts and photosynthetic life style. However, it has not been addressed how such mechanisms evolved during the course of endosymbiotic acquisition of chloroplasts. In this talk, I will introduce our recent results and discuss how the endosymbiotic acquisition of chloroplasts progressed, focusing on photosynthetic oxidative stress.

17:25-17:30 Closing remark by Shigehiro Kuraku, NIG

公開講演会

日時：2022年8月7日（日）14:00-16:30

場所：プラサヴェルデ コンベンションホールA

14:00-14:05 はじめに 斎藤成也（国立遺伝学研究所）

14:05-14:40 篠田謙一（国立科学博物館 館長）

ゲノムでわかった日本人の起源



14:40-15:15 佐藤洋一郎（ふじのくに地球環境史ミュージアム 館長）

イネはどのように日本社会に
受け入れられるようになったか



15:15-15:50 井ノ上逸朗（国立遺伝学研究所人類遺伝研究室 教授）
新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の
ゲノム解析からわかる感染動向



15:50-16:25 寺井洋平（総合研究大学院大学先導科学研究科 助教）
ヤポネシアは古い系統の貯蔵庫：
ニホンオオカミと古代犬から探るイヌの起源



16:25-16:30 おわりに 長田直樹（北海道大学）

進化学夏の学校

日時：2022年8月4日（木）13:00-17:00

場所：国立遺伝学研究所 ゲストハウス2階セミナー室

講師：斎藤成也（国立遺伝学研究所・特任教授）

内容：今年末ごろに共立出版から刊行される『ゲノム進化学』（斎藤成也著）をテキストにして、ゲノム進化について講義する。



13:00-14:00 『ゲノム進化学』第一部「進化は生物学を統合する」の説明；第4章「生命の歴誌」を中心に

14:00-14:10 休憩

14:10-15:10 『ゲノム進化学』第二部「ゲノム進化のメカニズム」の説明；第6章「系統樹」と第8章「ゲノムの長期進化」を中心に

15:10-15:20 休憩

15:20-16:20 『ゲノム進化学』第三部「ゲノム進化の研究法」の説明；第11章「系統樹の復元」と第12章「集団進化史の解析」を中心に

16:20-16:30 休憩

16:30-17:00 質疑応答

一般シンポジウム 概要

一般シンポジウムS1 原がん遺伝子の進化による役割の変化

日時：2022年8月5日（金） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

一般シンポジウムS2 全ゲノム情報で紐解く非モデル生物研究

日時：2022年8月5日（金） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

一般シンポジウムS3 更新世の大型絶滅動物のancient DNA解析への挑戦

日時：2022年8月5日（金） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

一般シンポジウムS4 進化の情報理論-低雑音環境のS/N利得が共生進化を生み出す-

日時：2022年8月5日（金） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

一般シンポジウムS5 Evolutionary informatics in the era of sequence data deluge

日時：2022年8月6日（土） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

一般シンポジウムS6 音響進化学の新展開

日時：2022年8月6日（土） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデ302会議室

一般シンポジウムS7 "ゲノムの場"の不均一性が駆動する遺伝子進化

日時：2022年8月6日（土） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

一般シンポジウムS8 ヤポネシア人が食べてきた植物のゲノム解析

日時：2022年8月6日（土） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

一般シンポジウムS9 マルチプルアラインメントの進化-MAFFT発表から20年を経て-

日時：2022年8月6日（土） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

一般シンポジウムS10 構成的実験手法で解き明かす生命現象の進化的起源

日時：2022年8月6日（土） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデ302会議室

一般シンポジウム 詳細

一般シンポジウムS1

原がん遺伝子の進化による役割の変化

日時：2022年8月5日（金） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

提案者 神崎秀嗣 (秀明大学看護学部)

シンポジウムの趣旨

c-Myc・Runxのような原がん遺伝子、p53やRbのようながん抑制遺伝子は種を越えてショウジョウバエほかでも発現している。さまざまな増殖・組織分化に関与しており、多面性を有している。AP1(c-Jun, c-Fos)、Runx, Relはポリオーマウイルス(Py)ゲノムの複製を亢進させている。また驚くべきことにがん抑制遺伝子のp53も同様であった。SV40、BPVでも転写調節因子により、そのゲノム複製は制御されている。一方、ヒトにおいても、c-Myc・Runxはがん化にも深く関与しているだけでなく、染色体の複製にも関与している。このシンポジウムでは原がん遺伝子の進化による役割について考察する。まず原がん遺伝子である転写調節因子の多様な細胞内での機能について説明する。次に、真核生物での原がん遺伝子の染色体複製についての知見、さらに発生分化と転写調節因子の関連についてショウジョウバエをモデルとした解析結果、そして、最後に転写因子RUNXの「がん遺伝子」としての役割について、最新の知見も含め講演する。

講演者と発表タイトル

10:00-10:30 神崎秀嗣 (秀明大学看護学部)

原がん遺伝子はウイルスゲノム複製を制御する~ポリオーマ(Py)ウイルスを中心に~

10:30-11:00 神崎秀嗣 (秀明大学看護学部)

原がん遺伝子のショウジョウバエでの役割

11:00-11:30 神崎秀嗣(秀明大学看護学部)

出芽酵母のDNA複製開始のエピジェネティックな制御

11:30-12:00 大谷昇平 (長崎大学・大学院医歯薬学総合研究科)

転写因子RUNXの「がん遺伝子」としての役割

一般シンポジウムS2

全ゲノム情報で紐解く非モデル生物研究

日時：2022年8月5日（金） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

提案者: 川口也和子・岡村悠・佐藤愛莉

シンポジウムの趣旨

モデル生物とは異なり非モデル生物では、進化学研究を行なう上でサンプリングや実験手法の調節など様々な場面において障壁が存在する。近年の次世代シーケンス技術の向上により、非モデル生物でもゲノム情報には比較的容易にアクセスできるようになったが、その活用過程には未だ課題も多い。本シンポジウムでは、非モデル生物を用いて進化学研究を行っている若手研究者をお呼びし、全ゲノム情報を用いた研究の展開について議論したい。

講演者と発表タイトル

10:00-10:05 趣旨説明

10:05-10:30 岡村悠(東大)

非モデル昆虫における全ゲノムシーケンスの実際

10:30-10:55 川口也和子 (千葉大)、土金勇樹 (東大)、田中啓介 (東農大)、太治輝昭 (東農大)、豊田敦 (遺伝研)、西山智明 (金沢大学)、関本弘之 (日本女子大学)、土松隆志 (東大)

ヒメミカヅキモにおけるコピー数変異がもたらした顕著なゲノムサイズ多型と遺伝子発現への影響

10:55-11:20 中村遥奈 (総研大)、相原光人 (東工大)、二階堂雅人 (東工大)

全ゲノム解析から迫るヴィクトリア湖シクリッドの進化

11:20-11:45 若宮健 (都立大)、田村桃歌 (東北大)、丸山真一郎 (東北大)、岡田泰和 (都立大)、河田雅圭 (東北大)

ニホンミツバチのゲノム多様性および関連する表現型形質の探索

11:45-12:00 総合討論

一般シンポジウムS3

更新世の大型絶滅動物のancient DNA解析への挑戦

日時：2022年8月5日（金） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

提案者 森宙史 (国立遺伝学研究所)

シンポジウムの趣旨

NGSの普及と共にancient DNA研究は急速な勢いで行われるようになってきており、ancient DNA解析で得られた古い年代の動植物のミトコンドリアや核ゲノム配列を用いた分子系統・集団遺伝学的な解析は、進化生物学の一大研究分野となっている。しかしながら、日本や熱帯・亜熱帯地域の更新世のサンプルは、平均的にDNAの残存量が少なく解析の難易度が高いこともあって研究が遅れている。本シンポジウムでは、企画者らのグループが行なった日本の更新世のオオカミやヒグマなどの大型動物のサンプルからのancient DNA研究の成功例をいくつか紹介すると共に、他の地域や年代のancient DNA研究と比較を行うことで、熱帯・亜熱帯地域の更新世サンプルのancient DNA解析にはwet実験・ゲノム解析・分子系統や集団遺伝学解析の各面でどのような技術的な困難がありいかにしてそれらの困難を克服するか等を議論し共有することで、今後のさらなる研究の発展の礎としたい。

講演者と発表タイトル

13:00-13:40 ○米澤隆弘 (東京農業大学 農学部)・瀬川高弘 (山梨大学 総合分析実験センター)・森宙史 (国立遺伝学研究所 情報研究系)

失われた生態システムの全体像をもとめて

13:40-14:05 瀬川高弘 (山梨大学 総合分析実験センター)

＜大会欠席のため講演なし＞

14:05-14:30 森宙史 (国立遺伝学研究所 情報研究系)

更新世絶滅動物のDNA配列データからのターゲット由来配列の情報学的な抽出とSNP解析

14:30-14:55 米澤隆弘 (東京農業大学 農学部)

一般シンポジウムS4

進化の情報理論-低雑音環境のS/N利得が共生進化を生み出す-

日時：2022年8月5日（金） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

提案者 得丸久文 (独立研究者)

シンポジウムの趣旨

バクテリアが真核生物に進化すると、それまでの細菌類を細胞内に取り込んだ共生が生まれた。脊椎動物は、中枢神経と脳室を獲得して、感覚-運動系を司る脊髄反射が始まった。胎生哺乳類は、子宮を獲得して、大きな脳をもち、群れの社会性(共生)を獲得した。これらの超越的進化は、大量絶滅時に核・CNS/脳室・子宮という低雑音環境を突然変異によって獲得し、静かな環境が回復したときにそれらの低雑音環境が桁違いに精緻でダイナミックなコミュニケーションを可能にしたからではないか。超越進化の原動力を、低雑音環境に求める理論仮説を提示する。この理論は、ヒトの言語と知能にもあてはまるだろう。今から7万 4000年前に起きたトバ火山灰の冬期に、南アフリカの南部海岸線沿いのブロンボス洞窟に住んでいた狩猟採集民は、子どもをあやすことを通じて音素セットを生みだし、その音素記憶を共同体成員が生まれるとすぐに脳内記憶に刷り込んで共有するように進化したと考えられる。

講演者と発表タイトル

13:00-14:00 得丸久文(独立研究者)

低雑音環境が非線形進化を生み出す-生命の複雑進化とヒトの音素共有-

14:00-14:40 島泰三(日本アイアイファンド)

<大会欠席のため講演なし>

14:40-15:00 質疑応答

一般シンポジウムS5

Evolutionary informatics in the era of sequence data deluge

日時：2022年8月6日（土） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

提案者 田村浩一郎 (東京都立大学)・岩崎渉 (東京大学)

シンポジウムの趣旨

More and more sequence data are becoming available in molecular evolutionary studies thanks to the advanced sequencing technologies. To let researchers take full advantage of this "sequence data deluge" to gain insights into the origins, background, and rules of the evolution of genes and genomes, effective computational methods are strongly needed to overcome the computational cost and resolve the intrinsic complexities of genome evolution. In this symposium, we will focus on the frontiers of evolutionary informatics in the era of sequence data deluge.

講演者と発表タイトル

10:00-10:30 Sudhir Kumar (Institute for Genomics and Evolutionary Medicine, Temple University)

Accurate, efficient, and green computing in Big Data Phylogenetics

10:30-11:00 SAITOU Naruya* and Kirill KRYUKOV (National Institute of Genetics)

External Edge Elimination (3E) method for phylogeny construction

11:00-11:30 Koichiro Tamura (Tokyo Metropolitan University)

Dating the origin and evolutionary history of pathogenic viruses from massive sequences

11:30-12:00 Wataru Iwasaki (The University of Tokyo)

Evolutionary informatics for obtaining more knowledge from the sequence data deluge

一般シンポジウムS6

音響進化学の新展開

日時：2022年8月6日（土） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデ302会議室

提案者 大橋拓朗 (名古屋大学 大学院理学研究科)・野尻太郎 (順天堂大学大学院医学研究科)

シンポジウムの趣旨

動物は、外部から入力される多様な感覚信号を利用して、環境についての情報を取得している。なかでも音声信号は遠隔地や遮光空間の情報を取得する上で重要であり、種毎に多様な音響戦略がみられる。求愛、警戒、音源定位に代表される音声利用の独自性は、聴覚器や脳神経系はもちろん、被食-捕食関係や種認知システムの進化など、その種の生活史に大規模な影響を与える一因となりうる。近年、生物の発する音声の研究では、これまでポピュラーであった音響学的解析を基盤に、遺伝学、神経科学、形態学、発生学、機械学習分野の技術を駆使した多角的なアプローチが試みられており、極めて高解像度でその進化史に迫ることが可能となってきた。こうした状況を受け、本シンポジウムでは遺伝子に始まり、神経回路、胚発生、化石記録、行動解析までの多階層を貫いた、幅広いバックグラウンドをもつ研究者に話題を提供して頂き、“音響進化学”における学際的な研究の可能性と展望について議論したい。

講演者と発表タイトル

10:00-10:24 野尻太郎 (順天堂大学大学院医学研究科)、福井大 (東京大学附属富良野演習林)、武智正樹 (順天堂大学大学院医学研究科)、小藪大輔 (筑波大学プレジジョンメディスン開発研究センター)
翼手類の聴覚器官形成と超音波能力の多様性進化

10:24-10:48 橋亮輔 (東京大学大学院総合文化研究科)
小鳥のさえずり制御の脳内機序と発声学習の進化

10:48-11:12 藍浩之 (福岡大学理学部地球圏科学科)、藤本亮汰 (福岡大学大学院理学研究 科地球圏科学専攻)、光畑雅宏 (アリスタライフサイエンス (株))
ミツバチの尻振りダンス解読の神経回路からの考察

11:12-11:36 大橋拓朗 (名古屋大学 大学院理学研究科)、石川由希 (名古屋大学 大学院理 学研究科)、上川内あづさ (名古屋大学 大学院理学研究科・東北大学大学院生命科学研究科)
ショウジョウバエの音シグナル情報を処理する神経回路の種間比較

11:36-12:00 西村剛 (京都大学ヒト行動進化研究センター)
サル類の音声解剖生理とヒトの特徴

一般シンポジウムS7

”ゲノムの場”の不均一性が駆動する遺伝子進化

日時：2022年8月6日（土） 10:00-12:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

提案者 原雄一郎 (東京都医学総合研究所)

シンポジウムの趣旨

ゲノム領域の内在的な特徴に相関して突然変異が不均一に生じることは以前より認識されてきたが、この不均一なゲノムの特徴が遺伝子進化にどのように寄与してきたかについては限定的な理解にとどまっていた。様々な生物ゲノム解読が進み遺伝子を網羅的に比較できるようになり、ゲノム領域の内在的な特徴が遺伝子の進化に予想以上に影響していることが明らかになってきた。加えて、ゲノムのクロマチン構造や核内配置を推定するエピゲノム解析、あるいはDNA損傷・修復をモニタリングする超並列シーケンシング技術を用いて、単純な配列比較だけでは見えてこなかった不均一性が生じる“場”を探求できる時代を迎えつつある。本シンポジウムでは、“ゲノムの場の不均一性”にゆかりをもつ研究者から、不均一性が生じる機構から遺伝子進化の様態、表現型進化への寄与といった様々な角度からの知見を提供するとともに、場という大域的な単位の進化的意義についても議論したい。

講演者と発表タイトル

10:00-10:05 趣旨説明

10:05-10:20 原雄一郎 (東京都医学総合研究所 ゲノム医学研究センター)
不均一なゲノムの場での突然変異と遺伝子進化のモード

10:20-10:45 竹中健人1、大泉祐介1,2、加治拓人2、田代三喜2、○加納純子1,2
(1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、2元阪大 蛋白質研究所)
テロメア隣接領域サブテロメアはゲノム変化のホットスポットである

10:45-11:10 中谷 洋一郎 (大阪大学 大学院医学系研究科 ゲノム生物学講座)
祖先ゲノム再構成により明らかになった初期顎口類ゲノムの非対称進化

11:10-11:35 ○伊東潤平1、佐藤佳1
(1東京大学 医科学研究所 感染・免疫部門 システムウイルス学分野)
トランスポゾンとKRAB zinc-finger遺伝子ファミリーの進化的軍拡競争がゲノム生態系の多様化を促進する

11:35-12:00 ○吉田祐貴1, Richard Cornette2, Oleg Gusev3, 黄川田隆洋2
(1東京大学大学院 総合文化研究科、2農業・食品 産業技術総合研究機構、3順天堂大学大学院医学研究科)
ネムリユスリカの極限環境適応へ寄与した染色体レベルのゲノムの偏り

一般シンポジウムS8

ヤポネシア人が食べてきた植物のゲノム解析

日時：2022年8月6日（土） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデコンベンションホールB

提案者 本橋令子 (静岡大学)

シンポジウムの趣旨

近年、モデル植物や主要作物以外の様々な植物ゲノム情報の蓄積により、ゲノム情報を用いた系統解析研究が大きく発展した。人間と密接に関連して生存し、島国などへの分散を人間に依存していた植物種の起源地や分散経路の研究は、その地域への人間集団の動きの解明の代用になる。縄文時代にヤポネシア人が食べていた植物種の起源地や分散経路を、ゲノム解析を通して解き明かすことにより、ヤポネシア人の渡来経路を議論したい。

講演者と発表タイトル

13:00-13:30 齊藤惟奈1、長田直樹2、篠村菜月1、Wiluk Chacuttayapong1、深沢知加 子1、小西達夫3、藤井浩1、大村三男1、本橋令子1◎

(1静岡大学 農学部 応用生命科学科、2北海道大学大学院情報科学研究院、3進化生物学研究所)

ヤポネシア人とサトイモの来た道

13:30-14:00 白澤健太(かずさDNA研究所)

ニホングリのゲノム解析から見た植物のゲノム進化の謎

14:00-14:30 熊谷真彦(農業・食品産業技術総合研究機構)

ヤポネシアにおけるイネ受容の歴史をゲノム情報から探る

14:30-15:00 ジェフリー・フォーセット(理研iTHEMS)

全ゲノムSNP解析による栽培ソバの起原の解明

一般シンポジウムS9

マルチプルアラインメントの進化~MAFFT発表から20年を経て~

日時：2022年8月6日（土） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデ301会議室

提案者 三澤計治 (横浜市大)

シンポジウムの趣旨

DNAならびにアミノ酸配列のマルチプルアラインメントは、ゲノムや遺伝子の進化を研究する際の最初のステップとなる。DNA配列決定技術の進展と、それに伴う配列情報データベースの拡大により、マルチプルアラインメントの高速化がますます必要になっている。高速なアラインメント手法として、2002年にMAFFTが発表された。MAFFTはその後技術革新を続け、次々と新しいバージョンが開発されている。本シンポジウムは、MAFFTの20年間の発展を中心テーマとし、最新のマルチプルアラインメント手法の進展を取り上げる。本シンポジウムを通じて、今後のマルチプルアラインメント手法が進む方向への議論を深めたい。

講演者と発表タイトル

13:00-13:30 Kazuharu Misawa (Yokohama City University)

MAFFT on python

13:30-14:00 Shigehiro Kuraku^{1,2}, John Rozewicki¹, Mitsutaka Kadota¹, Osamu Nishimura¹ (1RIKEN BDR & 2NIG)

Fostering Users' Literacy with Genome-wide Sequence Analysis Tools – Why Does a Core Facility Run Web Servers?

14:00-14:30 Maria Anisimova (Institute of Applied Simulation,
School of Life Sciences and Facility Management, Zurich
University of Applied Sciences and Swiss Institute of
Bioinformatics)

Phylogenetics with indels

14:30-15:00 Kazutaka Katoh (Osaka University)

Off-plan use of technology

一般シンポジウムS10

構成的実験手法で解き明かす生命現象の進化的起源

日時：2022年8月6日（土） 13:00-15:00

会場：プラサヴェルデ302会議室

提案者 津留三良 (東京大学 大学院理学系研究科)

シンポジウムの趣旨

現生の生物は、洗練され、進化した酵素をコードする遺伝子で構成されている。そして、これらの遺伝子は、適材適所で動作するように制御されている。私達がよく目にする生命現象の多くは、こうしたモダンな遺伝子によって説明されることが多いが、より単純な遺伝子構成からどのように進化して、高次の機能や構造が獲得されてきたかについてはよくわかっていない。近年、これらの進化の謎を解明する上で、構成的実験手法が活躍している。構成的実験手法とは、より単純な構成、材料を用いて、より高次の生体構造や生体機能の再構築を試みる研究手法であり、高次の生命現象に潜む進化的起源についての示唆が得られる。本セミナーでは、構成的実験手法を活用されている4名の若手研究者を招き、遺伝子発現の転写酵素のドメイン、遺伝子をまとめて制御するオペロン構造、細胞泳動を司る細胞内骨格、自己のRNAを特異的に取り込むウイルス粒子など、生物界に普遍的に見られる構造について、その進化的起源の最新の知見を紹介して頂き、課題や展開について広く議論したい。

講演者と発表タイトル

13:00-13:30 八木創太(理化学研究所 生命機能科学研究センター 高機能生体高分子開発チーム)

RNAポリメラーゼの進化的起源

13:30-14:00 金井雄樹(東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻)

オペロンの進化的起源を実験的に再構成する

14:00-14:30 木山 花¹◎,柿澤 茂行²,笹嶋 雄也¹,田原 悠平^{1,3},高橋 大地¹,宮田 真人^{1,3}
(¹大阪公立大学 大学院理学 研究科,² 国立研究開発法人 産業技術総合研究所 生物プロセス 研究部門、³ 大阪公立大学 複合先端研究センター)

ミニマル細菌JCVI- syn3.0Bを用いて探索する細胞運動の起源

14:30-15:00 寺坂尚紘(東京工業大学地球生命研究所)

原始ウイルスの進化を実験室内で再現する

口頭発表 概要

口頭発表の会場はすべてプラサヴェルデのコンベンションホールAとなります。

2022年8月5日（金）

- 9:00-10:00 口頭発表A-1～A-5（座長：網野海・大宮悠）
- 10:00-11:00 口頭発表B-1～B-5（座長：畑島諒・堀口理）
- 11:00-12:00 口頭発表C-1～C-5（座長：藤原一道・長田美沙）
- 13:00-14:00 口頭発表D-1～D-5（座長：大崎晴菜・新垣大幸）
- 14:00-15:00 口頭発表E-1～E-5（座長：河野美恵子・佐藤光彦）

2022年8月6日（土）

- 9:00-10:00 口頭発表F-1～F-5（座長：岩崎理紗・藤戸尚子）
- 10:00-11:00 口頭発表G-1～G-5（座長：安岡有理・渡辺順也）
- 11:00-12:00 口頭発表H-1～H-5（座長：呉佳齊・瀬戸陽介）
- 13:00-14:00 口頭発表I-1～I-5（座長：田村浩一郎・齋藤茂）
- 14:00-15:00 口頭発表J-1～J-5（座長：蘇智慧・颯田葉子）

2022年8月7日（日）

- 10:00-11:12 口頭発表K-1～K-6（座長：岸田拓士・上田真保子）

口頭発表 一覧

○は発表者を、★は学生の口頭賞審査対象、◆はポスドク/特任助教の口頭賞審査対象を意味します。

2022年8月5日（金） 9:00-10:00

口頭発表A-1～A-5（座長：網野海・大宮悠）

9:00-9:12 A-1★ カオジロショウジョウバエ類における生殖器の形態進化：種間交尾を用いた種特異性の解析

○小沼萌1、上村佳孝2、澤村京一3

1筑波大学・院生命地球・生物、2慶応大・生物、3筑波大・生命環境

9:12-9:24 A-2★ ムナスジショウジョウバエ類における生殖器の構造と機能の比較

○大宮悠1、小沼萌2、上村佳孝3、澤村京一4

1, 2筑波大・院生命地球・生物、3慶應大・生物、4筑波大・生命環境

9:24-9:36 A-3★ オウトウショウジョウバエにおける雄交尾器pregoniteの形態進化の背景にある遺伝機構の変化を探る

○酒井杏花1、田中健太郎1、藤近敬子1、高橋文1,2

1都立大・院理・生命、2都立大・生命情報研究センター

9:36-9:48 A-4★ 深層ニューラルネットワークによる特徴抽出を利用したチョウ翅模様の類似度定量化

○網野 海 (東京大学 農学生命科学研究科), 平川 翼 (中部大学 中部高等学術研究所), 矢後勝也 (東京大学 総合研究博物館), 松尾 隆嗣 (東京大学 農学生命科学研究科)

9:48-10:00 A-5★ 蛾において性限定擬態が進化するための前適応

○矢崎 英盛, 林 文男 (都立大・生命)

2022年8月5日 (金) 10:00-11:00

口頭発表B-1～B-5 (座長：畑島諒・堀口理)

10:00-10:12 B-1★ クシクラゲのペプチド発現神経の特徴と機能から見る神経細胞の進化的起源

Eisuke Hayakawa¹, Christine Guzman¹, ○Osamu Horiguchi¹, Chihiro Kawano¹, Akira Shiraishi², Kurato Mohri¹, Mei Fang Lin³, Ryotaro Nakamura¹, Ryo Nakamura¹, Erina Kawai⁴, Shinya Komoto⁵, Kei Jokura⁶, Kogiku Shiba⁷, Shuji Shigenobu⁸, Honoo Satake², Kazuo Inaba⁷ & Hiroshi Watanabe¹

1: Evolutionary Neurobiology Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan

2: Bioorganic Research Institute, Suntory Foundation for Life Sciences, Kyoto, Japan

3: College of Marine Sciences, National Sun Yat-Sen University, Taiwan

4: Marine Climate Change Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan

5: OIST Imaging Section, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan

6: Living Systems Institute, University of Exeter, Stocker Road, Exeter, EX44QD

7: Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba, Shizuoka, Japan

8: Trans-Scale Biology Center, National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan

10:12-10:24 B-2★ シロアリの雄特異的に発現する性決定遺伝子doublesexの下流制御の解析

○藤原克斗 (富山大・学術・理)、宮崎智史、(玉川大学院・農)、前川清人 (富山大・学術・理)

10:24-10:36 B-3★ ネバダオオシロアリの兵隊分化における嗅覚共受容体遺伝子Orcoの機能解析

○花田拓巳 富山大・院・理工、神田智巨 富山大・理・生、芦原流聖 富山大・理・生、前川清人 富山大・学術・理

10:36-10:48 B-4★ 脊椎動物初期進化の過程でドメインシャッフリングによって獲得された新規遺伝子の探索

○仮屋山博文¹, 川島武士², 尾崎遼³, 和田洋⁴

¹筑波大学大学院医学学位プログラム, ²国立遺伝学研究所, ³筑波大学医学医療系, ⁴筑波大学生命環境系

10:48-11:00 B-5★ 免疫関連遺伝子の発現消失がもたらしたシクリッドの唇肥大化平行進化

○畑島諒¹、豊田敦²、梶谷嶺¹、伊藤武彦¹、二階堂雅人¹

¹東京工業大学生命理工学院、²国立遺伝学研究所

2022年8月5日（金） 11:00-12:00

口頭発表C-1～C-5（座長：藤原一道・長田美沙）

11:00-11:12 C-1★ 浅海から汽水域における異なる環境への魚類の環境適応

○長田美沙（総合研究大学院大学 先端科学研究科 生命共生体進化学専攻）、寺井洋平（総合研究大学院大学 先端科学研究科）

11:12-11:24 C-2★ 異質4倍体であるアフリカツメガエルのcxcl12同祖遺伝子の解析
太田速斗（中央大学理工学部生命科学科）

11:24-11:36 C-3★ ゲノムワイド解析による日本列島のアカハライモリの集団遺伝構造の解明

○城間大輝¹, 松波雅俊², 島田知彦³, 松井正文⁴, 永野惇⁵, 富永篤^{1,6}

¹琉球大学大学院理工学研究科海洋自然科学専攻, ²琉球大学大学院医学研究科, ³愛知教育大学自然科学系理科教育講座, ⁴京都大学大学院人間・環境学研究科, ⁵龍谷大学農学部, ⁶琉球大学教育学部

11:36-11:48 C-4★ 集団ゲノム配列解析による東アジアにおける野生ハツカネズミの移住・混合様式の解明

○藤原一道（北海道大学大学院情報科学院）、鈴木仁（北海道大学大学院地球環境科学研究院）、長田直樹（北海道大学大学院情報科学研究院）

11:48-12:00 C-5★ コウモリの顔面にできる膜、“鼻葉”の創出機構をさぐる

○臼井 郁（東邦大・院理・生物）、土岐田昌和（東邦大・理・生物）

2022年8月5日（金）13:00-14:00

口頭発表D-1～D-5（座長：大崎晴菜・新垣大幸）

13:00-13:12 **D-1★ 脊椎動物の生活史には分類階級によらない2種類の表現型多様性が存在する**

○新垣大幸（大阪大学理学研究科）、藤本仰一准教授（大阪大学理学研究科）

13:12-13:24 **D-2★ 気孔発生様式の多様性を生み出す仕組みの実験的検証**

○ドル有生、古賀皓之、塚谷裕一

東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻

13:24-13:36 **D-3★ ポルフィリン生合成経路のALA合成酵素は抗生物質合成酵素を起源とする**

○川口 潤¹, 森 ひかる¹, 岩井 伯隆¹, 和地 正明¹

¹東京工業大学 生命理工学院

13:36-13:48 **D-4★ 変形菌の変形体における異種間の自他認識行動評価**

○増井真那^{1,2}、山本フィリップ^{1,2}、富田勝²、河野暢明^{1,2}

¹慶應義塾大学環境情報学部／²慶應義塾大学先端生命科学研究科

13:48-14:00 **D-5★ 植物間相互作用がもたらすスペシャリスト植食者の集中分布**

○大崎 晴菜（岩手大学大学院 連合農学研究科）、山尾 僚（弘前大学）

2022年8月5日（金）14:00-15:00

口頭発表E-1～E-5（座長：河野美恵子・佐藤光彦）

14:00-14:12 **E-1◆ The Open Fern Tree of Life: 常に最新の状態を保つ全シダ植物系統樹に向けて**

○ニッタ ジョエル（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）、Eric Schuettpeitz (Department of Botany, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution)、Santiago Ramírez-Barahona (Universidad Nacional Autónoma de México)、岩崎渉（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）

14:12-14:24 **E-2◆ ザゼンソウの発熱形質は寒冷適応に寄与するか？**

○佐藤 光彦（かずさDNA研究所）、松尾 歩（東北大学）、大塚 孝一（長野県植物研究会）、高野(竹中) 宏平（長野県環境保全研究所）、牧 雅之（東北大学）、岡野 邦宏（秋田県立大学）、陶山 佳久（東北大学）、稲葉 靖子（宮崎大学・東北大学）

14:24-14:36 **E-3◆ 長寿命植物Shorea laevisにおける幹細胞突然変異速度と分布について**

○今井亮介(九州大・理), 佐々木江理子(九州大・理), 藤野健(東大・新領域), 笠原雅弘(東大・新領域後藤), 谷尚樹(JIRCAS), 陶山佳久(東北大・農), 佐竹暁子(九州大・理)

14:36-14:48 **E-4◆ 地衣類イオウゴケの化学合成共生系の確立と極限環境への適応**

○河野美恵子（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）、田辺秀之（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）、寺井洋平（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）

14:48-15:00 **E-5◆ A rooted phylogeny resolves early bacterial evolution**

○Adrián A. Davín (1,2), Gareth A. Coleman (3), Tara A. Mahendrarajah (4), Lénárd L. Szánthó (5,5), Anja Spang (4,7), Philip Hugenholtz (2), Gergely J. Szöllősi (5,6,8), Tom A. Williams (3)

1 The University of Tokyo. 2 Australian Centre for Ecogenomics, The University of Queensland, Australia. 3 School of Biological Sciences, University of Bristol, UK. 4 Royal Netherlands Institute for Sea Research, Netherlands. 5 Department of Biological Physics, Eötvös Loránd University, Hungary. 6 MTA-ELTE Evolutionary Genomics Research Group, Hungary. 7 Uppsala University, Sweden. 8 Institute of Evolution, Centre for Ecological Research, Hungary.

2022年8月6日（土） 9:00-10:00

口頭発表F-1～F-5（座長：岩崎理紗・藤戸尚子）

9:00-9:12 **F-1◆ ヒトAPOBEC3遺伝子調節領域にかかる平衡選択とウイルス感染爆発の痕跡**

○藤戸尚子1、Revathi Devi Sundaramoorthy1、颯田葉子2、井ノ上逸朗1

1国立遺伝学研究所 人類遺伝, 2総合研究大学院大学 先導科学研究科

9:12-9:24 **F-2◆ 網羅的対偶遺伝学：遺伝子の二者択一進化を利用した機能未知遺伝子の新規機能予測法**

○大前 公保1、西村 祐貴1、富永 賢人1、岩崎 渉1

1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

9:24-9:36 **F-3◆ 胃がん関連遺伝子PSCAに見られるヒト集団間の正の自然選択ターゲットの多様性**

○岩崎 理紗（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）、颯田葉子（総合研究大学院大学・先導科学研究科/総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター）

9:36-9:48 **F-4◆ Genetic differentiation and balancing selection signature of olfactory receptor multigene family in human populations**

○Muhammad Shoaib Akhtar, Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo

Yoshihito Niimura, Department of Veterinary Sciences, Faculty of Agriculture,
University of Miyazaki, Japan

Kazushige Touhara, Department of Applied Biological Chemistry, Graduate
School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo, Japan

Amanda D. Melin, Department of Anthropology and Archaeology & Department
of Medical Genetics, University of Calgary, Canada

Shoji Kawamura, Department of Integrated Biosciences, Graduate School of
Frontier Sciences, The University of Tokyo, Japan

9:48-10:00 F-5◆ スラウェシマカク種間における広範囲のgene flow

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

(1)総研大・統合進化科学研究センター、(2)ボゴール農科大学、(3)京大・ヒト行動進化研
究センター

2022年8月6日（土） 10:00-11:00

口頭発表G-1～G-5（座長：安岡有理・渡辺順也）

10:00-10:12 G-1◆ 形態測定学による鳥類の無飛翔化における異時性仮説の再検討
渡辺順也（University of Cambridge）

10:12-10:24 G-2◆ イトヨにおけるヒストンの各種メチル化領域の同定系の確立と遺伝
子発現との相関

○奥出絃太、山崎曜、豊田敦、北野潤（国立遺伝学研究所）

10:24-10:36 G-3◆ イトマキヒトデ幼生の遺伝子発現と脊索動物胚の比較

○富永斉（中部大学先端研究センター）、西辻光希（沖縄科学技術大学院大学
(OIST)）、佐藤矩行（沖縄科学技術大学院大学 (OIST)）

10:36-10:48 G-4◆ 初期胚における遺伝子発現の揺らぎと進化の関係を探る

安岡 有理（理研IMS）

10:48-11:00 G-5◆ ナマコ類における生物発光の分布と進化

別所-上原 学（名古屋大学 高等研究院）

2022年8月6日（土） 11:00-12:00

口頭発表H-1～H-5（座長：呉佳齊・瀬戸陽介）

11:00-11:12 H-1◆ シングルセル解析によるがんの薬剤抵抗性メカニズムの解明

○瀬戸陽介（公益財団法人がん研究会 がん化学療法センター）藤田直也2、片山量平1
1公益財団法人がん研究会がん化学療法センター基礎研究部、2公益財団法人がん研究会
がん化学療法センター所長

11:12-11:24 H-2◆ Ploidy dynamics and the single cell gene-expression analysis in the aphid host cells that harbor symbiotic bacteria

○野崎友成¹、重信秀治²

¹基礎生物学研究所・産業技術総合研究所、²基礎生物学研究所

11:24-11:36 H-3◆ 分子進化速度に基づく種内の遺伝的多型と種特異的選択の予測

○呉佳齊（東海大学医学部基礎医学研究科）、米澤隆弘（東京農業大学農学部）、岸野洋久（東京大学大学院農学生命科学研究科・中央大学AI・データサイエンス社会実装ラボ）

11:36-11:48 H-4◆ 仮想生態系を用いた組織的な狩猟行動を支える認知・意思決定機構の探究

筒井 和詩（名古屋大学 情報学研究科）

11:48-12:00 H-5 Finding the cool in mutational hotspots: further analysis of chloroplast genome diversity in Colocasia species and populations

Olbrar Ahmed: National Museum of Ethnology, Osaka, Japan; Alpha Genomics Private Limited, Islamabad, Pakistan.

Etsuko Tabuchi: National Museum of Ethnology, Osaka, Japan

Peter J. Matthews: National Museum of Ethnology, Osaka, Japan

2022年8月6日（土）13:00-14:00

口頭発表I-1～I-5（座長：田村浩一郎・齋藤茂）

13:00-13:12 I-1 水草ミズハコベの異質倍数性ゲノムとその進化

○古賀皓之、ドル有生、塚谷裕一（東京大学）

13:12-13:24 I-2 シン・前鋤骨説：哺乳類の一次口蓋骨要素は爬虫類のどこから来たか？

東山 大毅（東京大学・医）

13:24-13:36 I-3 サケ科の系統における高温センサーTRPV1の機能的制約の緩みと再強化

○齋藤 茂^{1,2,3}、齋藤くれあ^{1,2}、野澤昌文⁴、太田利男⁵、富永真琴^{1,2,3}

¹ 生理学研究所・細胞生理、² 生命創成探究センター・温度生物、³ 総合研究大学院大学・生理科学、⁴ 東京都立大学・理学研究科、⁵ 鳥取大学・農学部

13:36-13:48 I-4 ショウジョウバエの婚姻贈呈をもたらす神経機構

田中良弥（名古屋大学理学部）

13:48-14:00 I-5 アカショウジョウバエにおける低温適応進化の実験進化的解析

近藤朋希¹、小川佳孝^{1,2}、田村珠雲¹、井手翼¹、○田村浩一郎^{1,2}

1 東京都立大学理学研究科生命科学専攻, 2 東京都立大学生命情報研究センター

2022年8月6日(土) 14:00-15:00

口頭発表J-1~J-5 (座長: 蘇智慧・颯田葉子)

14:00-14:12 **J-1 現生人類に浸透した旧人ゲノム検出の簡便法**

颯田 葉子 (総合研究大学院大学先導科学研究科)

14:12-14:24 **J-2 Impacts of environments on Asian human population history**

Hie Lim KIM (Nanyang Technological University)

14:24-14:36 **J-3 2次元遺伝的アルゴリズムを用いた遺伝子間相互作用が進化に与える影響の検証**

○明石基洋: 成蹊大学、藤原一郎: 大阪産業大学、古澤満: ちとせ研究所

14:36-14:48 **J-4 フモトミズナラ(*Quercus mongolicoides*)のカタストロフィック種分化**

広木詔三 (名古屋大学情報学研究科)

14:48-15:00 **J-5 トランスクリプトーム配列データによる節足動物の高次分類群間の系統解析**

○蘇 智慧 (1JT生命誌研究館)、佐々木綾子¹ (1JT生命誌研究館)、南 紘彰^{1,2} (1JT生命誌研究館、2阪大・理)

2022年8月7日(日) 10:00-11:12

口頭発表K-1~K-6 (座長: 岸田拓士・上田真保子)

10:00-10:12 **K-1 筋細胞の融合にかかわる内在性レトロウイルス由来の新規遺伝子**

○上田真保子¹、小野悠介²、隅山健太³、三橋里美⁴、三橋弘明⁵、中川草⁶

¹東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム機能多様性分野、²熊大・発生研、³理研・生命機能科学研究センター、⁴聖マリアンナ医科大・脳神経内科、⁵東海大・工学部、⁶東海大・医学部

10:12-10:24 **K-2 哺乳類Dlx5-6遺伝子クラスターの転写制御機構と進化**

○隅山 健太 (国立研究開発法人理化学研究所 生命機能科学研究センター)、田邊彰 (国立研究開発法人理化学研究所 生命機能科学研究センター)

10:24-10:36 **K-3 祖先アミノアシルtRNA合成酵素の復元**

○横堀伸一、馬場 柁、橋本ちひろ、松田直樹、遠藤有紀、佐藤陸、笹本峻弘、古川龍太郎、山岸明彦

東京薬科大学生命科学部応用生命科学科

10:36-10:48 K-4 長鎖シーケンス技術を用いたヒトゲノム解析

藤本明洋

東京大学医学系研究科人類遺伝学教室

10:48-11:00 K-5 現代日本列島人の地域的遺伝多様性

河合洋介

国立国際医療研究センター

11:00-11:12 K-6 縄文時代の鯨骨DNAに探る先史時代の鯨類の遺伝的多様性

岸田 拓士

ふじのくに地球環境史ミュージアム

一般ポスター発表 一覧

(学) は学生ポスター賞の審査対象です。

P-1 ミヤコグサ根微生物群集に関連する植物遺伝子座の探索

○番場 大¹, Turgut Y. Akyol², Johan Quilbe², Stig U Andersen², 佐藤 修正¹

¹東北大・院・生命, ²オーフス大・分子遺伝生物

P-2 サクラエビおよびタカアシガニのゲノム解析

○齋藤禎一¹、後藤康丞¹、倉石祐²、木南竜平^{2,3}、野田浩之^{2,3}、岡本一利^{1,2}、島貫郁¹、峯田克彦⁵、五條堀孝^{1,6}

¹一般財団法人マリンオープンイノベーション機構、²静岡県水産・海洋技術研究所、³近畿大学水産研究所、⁴静岡県漁業高等学園、⁵早稲田大学、⁶King Abdullah University of Science and Technology

P-3 ヤスデ類で見られるミューラー型擬態環への参加、離脱、移行

○田辺 カ¹、本間 淳²、曾田貞滋³、持田浩治⁴、Paul E. Marek⁵

¹熊本大学大学院先端科学研究部、²琉球大学農学部、³京都大学大学院理学研究科、⁴長崎総合科学大学総合情報学部、⁵Virginia Tech

P-4 静岡県産イワシ3種の全ゲノム解析と集団解析による地域特性の解明

○後藤康丞¹、倉石祐²、木南竜平^{2,3}、野田浩之^{2,4}、岡本一利^{1,2}、島貫郁¹、峯田克彦⁵、五條堀孝^{1,6}、齋藤禎一¹

1一般財団法人マリンオープンイノベーション機構、2静岡県水産・海洋技術研究所、3近畿大学水産研究所、4静岡県漁業高等学園、5早稲田大学、6King Abdullah University of Science and Technology

P-5 ナミアゲハにおける嗅覚受容体遺伝子の多様性およびその進化

○大田竜也1、山上初音2、志賀向子2、木下充代1

1総合研究大学院大学・先導科学研究科、2大阪大学・理学研究科

P-6 静岡県産キンメダイのゲノム決定と応用に向けた解析

○倉石祐1、木南竜平2、野田浩之3、岡本一利4、後藤康丞5、島貫郁5、峯田克彦5、五條堀孝5、齋藤禎一5

1静岡県水産・海洋技術研究所、2静岡県水産・海洋技術研究所（現：近畿大学水産研究所）、3静岡県水産・海洋技術研究所（現：静岡県漁業高等学園）、4静岡県水産・海洋技術研究所（現：一般財団法人マリンオープンイノベーション機構）、5一般財団法人マリンオープンイノベーション機構

P-7 哺乳類の複雑な臼歯形態を作る要因は何か：古典的学説の再検討

○浅原正和、原野智広（愛知学院大学教養部生物学教室）

P-8 哺乳類における異物代謝に関わるグルクロン酸抱合酵素（UGT）遺伝子の進化と食性の関わり

○川合佑典1、中山翔太2、3、池中良徳2、久保田彰1、石塚真由美2

1帯広畜産大学大学 獣医学研究部門、2北海道大学大学院獣医学研究院、3ザンビア大学獣医学部

P-9 ロブスター心臓解析による心房非依存的哺乳類心臓進化解明

○花島章、木元弥咲、伊原魁、大平桃子、臼居優、橋本謙、毛利聡（川崎医科大学生理学1教室）

P-10 ササコナフキツノアブラムシ *Ceratovacuna japonica* を用いた真社会性及び複合共生系の進化研究

○重信秀治1,2、頼本隼汰1,2、Chen-yo Chung1,3、服部充4、近藤真紀1

1基礎生物学研究所、2総合研究大学院大学、3台湾大学、4長崎大学

P-11 両生類特異的なTRPA1選択的スプライシングバリエントの起源と機能的な進化過程

○齋藤 くれあ1,2、富永真琴1,2,3、齋藤 茂1,2,3、

1生理研・細胞生理、2生命創成探究センター・温度生物学、3総研大・生理科学

P-12 Colocasia esculenta (taro) is polyphyletic: implications for evolution and taxonomy

○P. J. Matthews¹, M. A. Hossain², D. Sookchaloem³, V. D. Nguyen⁴, S.-Y. Wong⁵, J. Jyloerica⁵, E. Tabuchi¹ and I. Ahmed^{1,6}

¹National Museum of Ethnology, Japan. ²Bangladesh Agricultural University, Bangladesh.

³Kasetsart University, Thailand. ⁴National Institute of Ecology & Biological Resources & Graduate University of Science and Technology, Vietnam. ⁵Universiti Malaysia Sarawak, Malaysia. ⁶Alpha Genomics Ltd, Pakistan.

P-13 平板動物のGPCRの解析によるオプシンの起源の探求

高橋 直樹¹、寺北 明久^{1,2,3}、○小柳光正^{1,2,3}

¹大阪市立大学 大学院理学研究科、²大阪公立大学 大学院理学研究科、³大阪公立大学 OCARINA

P-14 集団遺伝学のモデル菌類としてのスエヒロタケのゲノム解析

○松前ひろみ¹、坂本美佳²、小木曾映里³、須藤恵美⁴、クリュコフ・キリル²、望月孝子²、谷澤靖洋²、今西規^{1,4}、豊田敦⁵、中村保一²、亀井克彦⁶、細矢剛⁷

¹東海大学医学部分子生命科学、²国立遺伝学研究所情報研究系、³国立科学博物館分子生物多様性研究資料センター、⁴東海大学大学院医学研究科、⁵国立遺伝学研究所ゲノム・進化系、⁶千葉大学真菌医学研究センター感染症制御分野、⁷国立科学博物館植物研究部

P-15 マイクロサテライトを用いた野生ヒラメの血縁推定における尤度比のパーミュテーション検定

○大林武¹、安藤大樹²、池田実²

¹東北大学大学院情報科学研究科、²東北大学大学院農学研究科

P-16 遺伝的多様性とエピジェネティック多様性の相互補償性の検証

勝村 啓史（北里大学医学部解剖学）

P-17 タツノオトシゴの系統で見つかったトランスポゾン由来と予想される新奇遺伝子

○川口眞理¹・川原玲香²・富田憲司³・河野友宏²・金子豊二³・安増茂樹¹

¹上智大・理工・物質生命、²東農大・生物資源ゲノム、³東大・農

P-18 非協力者と関係を打ち切る行動は協力者と非協力者のどちらにとってより有益だろうか

黒川瞬（北陸先端科学技術大学院大学）

P-19 アゲハチョウ属のメスに限られたベイツ型擬態を制御するスーパージーンの機能と進化

○古俣慎也¹、依田真一²、梶谷嶺³、篠崎颯太¹、藤原晴彦¹

¹東大、²基生研、³東工大

P-20 シンビオディニウム属渦鞭毛藻類にみるイントロン獲得・増加のメカニズム

○矢崎 裕規、Jeffrey Fawcett（理化学研究所 数理創造プログラム）

P-21 海洋細菌の比較ゲノムから明らかにする相互排他的な遺伝子ペアが生じるメカニズム

○富永 賢人¹、西村 祐貴¹、大前 公保¹、岩崎 渉¹

¹ 東京大学・大学院新領域創成科学研究科

P-22 ショウジョウバエの集団行動に関わるゲノム基盤の解明

○佐藤大気^{1, 2}、高橋佑磨²

¹ 藤田医科大・医科研、² 千葉大・院・理

P-23 アノールトカゲの遺伝子発現の温度順化の進化と転移因子によるHSEの拡大との関連

○金森駿介、河田雅圭（東北大学大学院生命科学研究科）

P-24 進化学と障害学に見られる対立と親和性

○西山久美子^{1,2}、水島希³

¹ 総研大・統合進化科学研究センター、² 東海大・医、³ 叡啓大・ソーシャルシステムデザイン

P-25 巻貝の貝殻プロテオミクス：右巻・左巻比較解析

○石川彰人¹、清水啓介²、浅見崇比呂³、遠藤一佳¹

¹ 東京大学大学院理学系研究科、² 東京大学大学院・農学系研究科、³ 信州大学・理学部

P-26 細菌の薬剤耐性空間上の進化軌跡を自動フィードバック制御する

○芝井厚（理研BDR）、古澤力（理研・東大）

P-27 タリーモンスターは脊椎動物ではない

○三上 智之¹、池田 貴史²、村宮 悠介³、平沢 達矢⁴、岩崎 渉⁵

¹：国立科学博物館地学研究部、²：東京大学大学院理学系研究科生物学専攻、³：深田地質研究所、⁴：東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻、⁵：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

P-28 ヘテロシスによるクローン表現型分散の減少

大窪 健児（総合研究大学院大学）

P-29 ヒト腸内メタトランスクリプトームから検出されたRNAウイルス

○杉本竜太¹ 西村瑠花^{1,2} 井ノ上逸朗¹

1国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室、2総合研究大学院大学 遺伝学専攻

P-30 シン・近隣結合法：PANJEP法が問い直す系統解析の常識

○松井求、岩崎渉（東京大学大学院新領域創成科学研究科）

P-31（学）単細胞ホロゾアのNotch様遺伝子:細胞接触感知メカニズムの起源

Capsaspora Notch like gene reveal – The origin of cell-cell contact sensing

田中颯真（県立広島大学 総合学術研究科 生命システム科学専攻）

P-32（学）Farris系統樹で発生する長枝誘引

○仲田昇平（静岡大学大学院 総合科学技術研究科農学専攻）、渡邊知輝（岐阜大・院連農）、堀池徳祐（静岡大・農）

P-33（学）大腸菌の高温適応進化におけるGroELの機能変化

外山 弘恵（東邦大学大学院理学研究科生物分子科学専攻岸本研究室）

P-34（学）鳥類足部筋の相同性

○久保孝太1、平沢達矢2、 小林快次3

1北大理、2東大理、3北大博

P-35（学）頭蓋骨形態と系統情報から導く曲鼻猿類の進化プロセス

○豊田直人、西村剛2

1京都大学ヒト行動進化研究センター生物科学専攻 系統発生分科、2京都大学ヒト行動進化研究センター

P-36（学）異なる条件での in vitro 進化実験の比較による集団の存続条件の探索

○湯川香東1, 吉山友明2, 水内良3,4, 市橋伯一1,3,5

1東大・総合文化, 2阪大・院情報, 3東大・先進科学, 4JSTさきがけ, 5東大・生物普遍性研究機構

P-37（学）ショウジョウバエの生殖休眠の地域系統差に時計遺伝子は関与しているのか？

○藤近敬子1、高橋文1, 2

1都立大・院理・生命 2都立大・生命情報セ

P-38（学）オウトウショウジョウバエとその近縁種間の異なる交尾姿勢に関わる雄の前脚形態進化の遺伝基盤の解明

○山本廉太1、高橋文1,2

1都立大・院理・生命、2都立大・生命情報研究センター

P-39 (学) 気孔をもたないコケ植物ゼニゴケにおける気孔形成関連遺伝子の機能解析

○守屋健太¹、白川一²、Jeanne Loue-Manifel^{3,4}、松田頼子⁵、田村謙太郎⁶、岡義人¹、松下智直¹、西村いくこ⁷、Gwyneth Ingram³、西浜竜一^{5,8}、Justin Goodrich⁴、河内孝之⁵、嶋田知生¹

¹京大・院理、²NAIST、³ENS de Lyon、⁴Edinburgh Univ.、⁵京大・院生命、⁶静岡県立大・食品栄養、⁷甲南大・理工、⁸東京理科大・理工

P-40 (学) 東アフリカ産シクリッドにおける肥大化した唇の分子実態解明

○待井長敏¹、畑島諒¹、中村遥奈¹、丹羽達也^{1,2}、長澤竜樹¹、二階堂雅人¹

¹: 東京工業大学 生命理工学院

²: 東京工業大学 科学技術創成研究院

P-41 (学) コウモリにおける超音波発射能力獲得の進化史—成獣の解剖と胚発生と比較から—

○山本 知希¹、臼井 郁²、土岐田 昌和¹

¹東邦大・理・生物、²東邦大・院理・生物

P-42 (学) SARS-CoV-2とコウモリコロナウイルスにおけるFurin cleavage siteの解析

○藤田滋、伊東潤平、佐藤 佳（東京大学 医科学研究所 感染・免疫部門 システムウイルス学分野）

P-43 (学) 日本のコウゾ属の分類と渡来経路の解明

○吉村茜¹、深沢知加子¹、坂本勇²、北村皆雄³、本橋令子¹

¹静岡大学大学院、²東京修復保存センター、³ヴィジュアルフォークロア

P-44 (学) クワガタムシ科におけるtransformer遺伝子の解析

○大津樹（静大理・生物）、山内花音（静大理・生物）、後藤寛貴（静大院・総科、静大理・生物）

P-45 (学) EPUcov: a phylogeny-free evolutionary probability method for testing neutrality at amino acid and nucleotide sites

○Yujia Cai ¹、Koichiro Tamura ^{1,2}

¹ Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan University

² Research Center for Genomics and Bioinformatics, Tokyo Metropolitan University

P-46 (学) サトイモの渡来経路の解明

○斉藤惟奈¹、長田直樹²、篠村菜月¹、Wiluk Chacuttayapong¹、深沢知加子¹、小西達夫³、藤井浩¹、大村三男¹、本橋令子¹

¹静岡大学大学院、²北海道大学大学院情報科学研究科、³進化生物学研究所

P-47 (学) 植生スペシャリストは種分化しやすいか？

○西口智也1、三上智之2、岩崎渉1

1: 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、2: 国立科学博物館 地学研究部

P-48 (学) Demography inference to understand behavioural divergence in a migratory songbird blackcap

○Jun Ishigohoka(Max Planck Institute for Evolutionary Biology)

Miriam Liedvogel (Max Planck Institute for Evolutionary Biology, Plön, Germany, The Institute of Avian Research, Wilhelmshaven, Germany)

P-49 (学) 遺伝子変換を考慮したY染色体の劣化ダイナミクス

○坂本貴洋、印南秀樹 (総研大先導研)

P-50 (学) The Comprehensive Analysis of Structural Variant (SV) Profile in Mycobacterium tuberculosis (MTB) Genome and Their Association with Patient/Pathogen Phenotypes

○Wittawin Worakitchanon1, Hideki Yanai2, Pundharika Piboonsiri1,4, Boonchai Chaiyasirinroje3, Nuanjan Wichukchinda4, Yosuke Omae5, Prasit Palittapongarnpim6,7, Katsushi Tokunaga5, Surakameth Mahasirimongkol4 and Akihiro Fujimoto1

1Department of Human genetics, School of International Health, Graduate School of Medicine, The University of Tokyo, Tokyo, Japan

2Fukujuji Hospital and Research Institute of Tuberculosis (RIT), Tokyo, Japan

3TB/HIV Research Foundation (THRF), Chiangrai, Thailand

4Medical Genetics Center, Medical Life Sciences Institute, Department of Medical Sciences, Ministry of Public Health, Nonthaburi, Thailand

5Genome Medical Science Project, National Center for Global Health and Medicine, Tokyo, Japan

6Center for Microbial Genomics, Department of Microbiology, Faculty of Science, Mahidol University, Bangkok, Thailand

7National Science and Technology Development Agency, Pathumthani, Thailand
Department of Human Genetics, School of International Health, Graduate School of Medicine, The University of Tokyo

P-51 (学) cis制御領域におけるSmadの結合配列の獲得が新しい遺伝子発現のパターンを生み出した

○柄澤 匠(北海道大・院環境科学院)、齊藤奈美歩(北海道大・理学部)・越川滋行(北海道大・院環境科学院, 北海道大・院地球環境科学研究所)

P-52 (学) 魚類に見られる鼻管の適応的意義と平行進化に関する研究

○伊藤隆晃1、西浦賀乃子1、木村優希1、中牟田信明2、長澤竜樹1、二階堂雅人1
1東京工業大学 生命理工学院、2岩手大学 農学部

P-53 (学) 海洋進出を果たしたウミガメの鰭状四肢形成

○佐藤大夢、土岐田昌和 (東邦大学 理学研究科 生物学専攻)

P-54 (学) 日本列島古代人のゲノムデータを用いた古代微生物解析

○西村瑠佳1,2、杉本竜太2、神澤秀明3、篠田謙一3、井ノ上逸朗1,2
1総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻、2国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室、3国立科学博物館 人類研究部 人類史研究グループ

P-55 (学) 転写因子DMRT1のドメイン進化:ordered vs disordered domains

○石川直樹1、林舜2、藤谷和子3、岡野即仁2、須田皓介2、奥山ほのか2、田村啓1, 2、高松信彦1, 2、伊藤道彦1, 2、伊藤道彦1
1北里大学・理・分子生物、2北里大学・院理、3北里大学・医

P-56 (学) ヒグマはどのように分散し、定着したか？-全ゲノム解析によるユーラシア内陸部と島嶼のヒグマの移動史-

○遠藤優1、長田直樹1、間野勉2、Alexei V. Abramov3、増田隆一1
1北海道大学、2北海道立総合研究機構、3Zoological Institute, Russian Academy of Science

P-57 (学) イネにおけるファイトアレキシン生合成遺伝子の進化

○假谷佳祐1、吉川貴徳2、寺石政義2、上野琴巳3、石原亨3
1鳥大院連農、2京大院農、3鳥大農

P-58 (学) 魚類における体表の化学感覚の探索

○桐ヶ窪寛、佐久間敦丈、長澤竜樹、二階堂雅人 (東京工業大学生命理工学院)

P-59 (学) アカショウジョウバエ自然集団の低温耐性獲得に伴うゲノムの経年変化

○上岡瑠奈1、小川佳孝1、田村浩一郎1,2
1都立大・院理・生命科学、2都立大・生命情報センター

P-60 (学) 海産キクイムシ属における多糖類分解酵素の解析

○杉田 智哉1、吉野 広軌2、朝川 毅守3
1千葉大学大学院 融合理工学府、2自然環境研究センター、3千葉大学理学院

P-61 (学) RNAの構造ゆらぎと進化の可能性との関係の探索

○前田祐太郎（東京大学大学院総合文化研究科）、水内良（東京大学大学院先進科学研究機構、JST PRESTO）、重信秀治（基礎生物学研究所）、芝井厚（理化学研究所）、小谷葉月（理化学研究所）、古澤力（生物普遍性研究機構、理化学研究所）、市橋伯一（東京大学大学院総合文化研究科、東京大学大学院先進科学研究機構、生物普遍性研究機構）

P-62（学）ハリネズミの針形成に関する進化発生学的起源の解明

○黒瀬成美¹、田中亮輔¹、小林汐織¹、重谷安代²、岡部正隆²、長澤竜樹¹、二階堂雅人¹

¹東京工業大学 生命理工学院, ² 東京慈恵会医科大学

P-63（学）アノールトカゲの温度適応進化に関わるゲノム内保存・加速領域の検出

○坂本美久（¹）、金森駿介（¹）、Luis M. Díaz（²）、Antonio Cádiz（³）、石井悠（¹）、中山卓郎（⁴）、山口勝司（⁵）、重信秀治（⁵）、河田雅圭（¹）

¹東北大学, ²Mus. Nat. Hist. of Cuba, (³) Habana Univ., (⁴) 筑波大学, (⁵) 基礎生物学研究所

P-64（学）人為選択系統を用いたアカショウジョウバエの低温耐性と代謝の関連解析

○井手翼¹、田村珠雲¹、田村浩一郎^{1,2}

¹都立大・院理・生命科学、²都立大・生命情報センター

P-65（学）細胞間連絡の起源：単細胞ホロゾアの受容体型チロシンキナーゼの活性

○日野礼仁¹、白岩和沙²、重見開生²、菅裕²

¹県立広島大学 総合学術研究科、²県立広島大学 生物資源科学部

P-66（学）シクリッドにおけるV1R遺伝子の種間比較解析

○滝隼輔¹、二階堂雅人¹

¹東工大・生命理工

P-67（学）卵泥棒・マタンビハンターのボトルネックと進化史

○今本南¹、中村遥奈¹、相原光人¹、伊藤武彦¹、二階堂雅人¹

¹東工大・生命理工学院

P-68（学）ヤマトシロアリの化学受容器で発現するリポカリン遺伝子における機能解明の試み

○小林 あんじ¹、花田 拓巳¹、矢口 甫²、前川 清人³

¹富山大・院・理工、²関西学院大・理工、³富山大・学術・理

P-69（学）グッピーの色彩装飾形質の進化：Csflシグナル経路がオレンジスポットと免疫応答に与える影響

○川本麻祐子・石井悠・河田雅圭（東北大学）

P-70 (学) 両生類及び肉鰭類ハイギョに特異的なミオシン重鎖遺伝子クラスターの分子進化

○加藤優斗¹, 宮坂拓実¹, 金子大輝², 横山悠里², 福井彰雅³, 伊藤道彦^{1,2}, 高松信彦^{1,2}, 田村啓^{1,2}

¹ 北里大学・院理, ² 北里大学・理・分子生物, ³ 中央大学・理工学部

P-71 (学) 真骨魚類の対ビレにおけるShh遺伝子の機能分化とそこから生じる形態進化の可能性

○田中祥貴¹, 安齋賢¹, 阿部玄武², 田村宏治¹

¹ 東北大・生命科学研究科, ² 鳥取大・医学部生命科学研究科

P-72 (学) 細胞接着の起源—単細胞ホロゾアのラミニン様遺伝子の機能解明

○傳保 聖太郎, 小野あおい, 福原光海, 菅裕

県立広島大学 総合学術研究科生命システム科学専攻

P-73 (学) オウトウショウジョウバエにおける雄生殖器surstylusの機能及び遺伝的基盤の解明

○熊谷颯之¹, 酒井杏花¹, 藤近敬子¹, 田中健太郎¹, 上村佳孝², 高橋文^{1,3}

¹ 都立大・院理・生命科学, ² 慶応大・生物, ³ 都立大・生命情報研究センター

P-74 (学) Buchnerは正しかった！カツオゾウムシ類の共生細菌の再発見

○水野陽太^{1,2}, 森山実², 深津武馬^{1,2}

¹ : 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻, ² : 国立研究開発法人産業技術総合研究所

P-75 (学) Genomic divergence of *Drosophila albomicans* in Japan via migration from Taiwan

○Sultan Lulecioglu¹, Yoshitaka Ogawa¹, Koichiro Tamura^{1,2}

¹ Dept. Biol. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., ² RCGB, Tokyo Metropolitan Univ.

P-76 (学) マルチプルライメント法が長枝誘引の発生に及ぼす影響の解明

○渡邊知輝¹, 堀池徳祐²

¹ 岐阜大院・連農, ² 静岡大・農

P-77 (学) ヴィクトリア湖産シクリッドにおけるcollagen 6a6遺伝子の機能解析

○久保田和樹¹, 中村遥奈¹, 長澤竜樹¹, 二階堂雅人¹

¹ 東京工業大学生命理工学院

P-78 (学) ジェネラリスト微生物進化の環境解析とその経済学的考察

○伊東眞琴²、岩崎 渉^{1,2}

¹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、²東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻

P-79 (学) 東京大学柏キャンパス内の井水に生息する多様なCPRの宿主を予測する

○中川祐奈¹、西村祐貴¹、大前公保¹、富永賢人¹、増田幸子²、柴田ありさ²、白須賢²、岩崎 渉¹

¹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、²理化学研究所環境資源科学研究センター

P-80 (学) 単孔類ハリモグラのゲノムにみられるレトロウイルスの活発な内在化

○北尾晃一¹、早川卓志²、宮沢孝幸¹、中川草³

¹京都大学 医生物学研究所、²北海道大学 地球環境科学研究院、³東海大学 医学部

P-81 (学) ヒト進化を駆動したヒト特異的重複遺伝子の網羅的探索

○中野陽介¹、鈴木郁夫^{1,2}、榎本和生^{1,3,4}

¹東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、²AMED-PRIME ³東京大学ニューロインテリジェンス国際研究機構 ⁴AMED-CREST

P-82 (学) Hox遺伝子Labialの新機能 -カメムシ腸内共生細菌の消化・吸収制御-

○大石紗友美^{1,2}、森山実²、水谷雅希²、深津武馬^{1,2}

¹東京大学・院理・生物科学、²産総研・生物プロセス

P-83 (学) ニワトリの家畜化に関わる遺伝基盤の探索

○山田 洋平¹、山崎 のぞみ²、松本 悠貴³、大矢 康成⁴、東浦 裕紀²、野崎 ののこ²、後藤 達彦⁵、都築 政起⁶、新村 毅¹

¹東京農工大・農、²東京農工大・院農、³アニコム先進医療研究所株式会社・麻布大、⁴三重畜試、⁵帯広畜産大、⁶広島大・生物生産

P-84 (学) 遺伝的変異と非遺伝的変異の多様化パターンの類似性：形態データとトランスクリプトームデータを用いた検証

○斉藤京太（千葉大・院・融）、坪井助仁（ルンド大・理）、高橋佑磨（千葉大・院・理）

P-85 (学) 交雑を伴う多様化は繰り返す：陸産貝類の事例

○石井康人¹、伊藤舜²、亀田勇一³、千葉聡^{2,4}、平野尚浩^{2,4}

¹東北大学 理学部 生物学科、²東北大学 東北アジア研究センター、³国立科学博物館 人類研究部、⁴東北大学 生命科学研究科

P-86 (学) 魚類の鰭における化学感覚受容体遺伝子の発現探索

○西浦賀乃子、長澤竜樹、二階堂雅人

P-87 (学) 擬細胞内RNA実験進化で自発的に生じた遺伝情報と機能の分離

○寺田 海舟¹、荏原 基力¹、井川 善也^{1,2}、松村 茂祥^{1,2}

¹富山大・院理工、²富山大・院生命融合

P-88 (学) Bac2Feature：系統情報を利用した微生物の形質推定パイプライン

○藤吉 真生¹、鈴木 誉保¹、松井 求¹、岩崎 渉¹

¹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

P-89 (学) アカショウジョウバエにおける生殖細胞とその発生に対する低温の効果

○田村珠雲¹、井手翼¹、田村浩一郎^{1,2}

¹都立大・院理・生命科学、²都立大・生命情報センター

P-90 (学) Evolution of gene expression for cold acclimation in *Drosophila albomicans*

○Shikha Singh¹, Tomohiko Kimura¹, Masafumi Nozawa^{1,2}, Koichiro Tamura^{1,2}

¹Dept. Biol. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., ²RCGB, Tokyo Metropolitan Univ.

P-91 (学) ホストレース間における寄主植物に依存しない同系交配

○高野翔子¹、大島一正²

¹京都府大・院生命環境、²京都府大・院生命環境、京都府大・新自然史科学創生センター、京都府立植物園

P-92 (学) 新奇性追求の遺伝基盤とその進化的意義の解明に向けた取り組み

○木村文昭³、笠原麗美¹、太田博樹²、小川元之^{1,3}、竹内秀明⁴、勝村啓史^{1,3}

¹北里大学医学部、²東京大学大学院理学系研究科、³北里大学大学院医療系研究科、⁴東北大学大学院生命科学研究科

P-93 (学) Transcriptomic comparative analysis of queen bees during lifestyle transition

○Yuhang Jia (1), Takashi Makino (1)

¹ Graduate School of Life Sciences, Tohoku University

P-94 画像解析と数理モデルによる造礁サンゴのコロニー形成の研究

○鎌本直也、藤本仰一（大阪大学理学研究科生物科学専攻）

P-95 脊椎動物のDNAバーコーディングに適した核DNA領域の探索

○矢野大智¹、橋口康之²、熊澤慶伯¹

¹名市大・院理、²大阪医薬大・医

高校生ポスター発表 一覧

HP-1 岐阜県西濃地区に分布するタンポポ属に関する研究

前田紗希（岐阜県立大垣西高等学校）

HP-2 お餅を食べた後のアクエリアスはなぜ苦いか？

鞍貫心美，佐藤夏妃（東京都立国分寺高等学校）

HP-3 ペーパーディスク法によるマスキスプレーの口腔細菌におよぼす抗菌効果

伊勢和葉，川口秀翔，竹内愛惺（山村学園 山村国際高等学校 生物部）

HP-4 味覚と嗅覚 どっちが強い？ ～味はどのようにして決まるのか～

外山晴菜，宮澤芽以（東京都立国分寺高等学校）

HP-5 ビターチョコレートでスキンケア（日焼け予防）

塩田はな（山村学園 山村国際高等学校 生物部）

HP-6 シダ植物でもサリチル酸は植物ホルモンとなるか

佐野和雲，渡邊祥（静岡県立下田高等学校）

HP-7 トビ棘口吸虫の宿主サイクル

岡田琉生，中田大雅，遠藤楓斗，増田旺亮，舘明杜（岐阜県立岐山高等学校）

HP-8 フラクトオリゴ糖は腸内細菌叢の バランスを変化させる

金子菜名子，藤野正雪，矢田貝泰輝（山村国際高等学校）

HP-9 シダ植物にみられる蛍光成分の特定

有藤葵，市川こはる，落合穂花，古田善孝，熊岡和真（静岡県立磐田南高等学校）

HP-10 アカハライモリの1日 ～サーカディアンリズムと社会性の解析～

藤田佳歩（東京大学教育学部附属中等教育学校）

HP-11 ニホンモモンガの遺伝的差異を明らかにする～生息地の違いに注目して～

中森日菜子（広島県立呉三津田高等学校）

HP-12 野生メダカと改良メダカの群れ行動の比較

大林杏紅（鳥取県立米子東高等学校）

HP-13 ポリフェノールの突然変異抑制効果

島田千陽，伊藤桂吾，荒井優菜，佐藤真美，藤井由紀子，畠山礎瑛，藤原大晟，壹岐真名人，山本麻由，佐々木潤大（秋田県立秋田高等学校）

A - 1★

カオジロショウジョウバエ類における生殖器の形態進化：種間交尾を用いた種特異性の解析

○小沼萌1、上村佳孝2、澤村京一3

1筑波大学・院生命地球・生物、2慶応大・生物、3筑波大・生命環境

動物の生殖器は進化速度がはやく、近縁種間においても形態が異なる。近縁種間における生殖器形態の違いは種間交尾における生殖器のカップリングや交尾姿勢の異常のみならず、交尾継続時間の短縮や種間交尾したメスの適応度の低下を引き起こす可能性がある。カオジロショウジョウバエ類4種は雌雄ともに生殖器形態に種特異性がみられ、その構造は雌雄間でよく対応している。本研究ではD. aurariaメスーD. triaurariaオス、D. triaurariaメスーD. aurariaオス、D. biaurariaメスーD. subaurariaオス、D. subaurariaメスーD. biaurariaオスの4通りの種間交尾を観察した。その結果、いずれの組合せにおいても種内交尾と比べて交尾継続時間が非常に短いペアや生殖器のカップリングが異常なペアが出現した。また、異種と交尾したメスには種内交尾ではみられない位置への交尾時創傷が観察された。これらのことから、カオジロショウジョウバエ類における生殖器形態の種間差は、生殖的隔離の1つである機械的隔離の要因になり得る。今後は、種間交尾が精子輸送やメスの寿命・産卵数におよぼす影響を調査する必要がある。

A - 3★

オウトウショウジョウバエにおける雄交尾器pregoniteの形態進化の背景にある遺伝機構の変化を探る

○酒井杏花1、田中健太郎1、藤近敬子1、高橋文1,2

1都立大・院理・生命、2都立大・生命情報研究センター

交尾器の形態は早く進化することが知られており、近縁種間の交尾器の形態的差は生殖的隔離の要因になることがある。姉妹種であるオウトウショウジョウバエとニセオウトウショウジョウバエの雌雄交尾器の形態も大きく異なっており、オスの交尾器構造の一つであるpregoniteの機能や形態が二種間で異なっていることが報告されている。本研究では、pregoniteの形態的差がどのような遺伝機構によって生じたのかを明らかにするため、まず蛹期において二種間のpregoniteの形態に差が生じる発生段階を調べた。結果、蛹化後約55時間後から違いが顕著になることがわかった。次に、蛹化後55時間の前後に交尾器を含む腹部の末端からRNAを抽出し、RNA-seqを行った。さらに、pregoniteの形態に関するQTL解析を行った結果、種間差の原因となる遺伝子座を含むと考えられる領域を複数検出した。これらの領域内に存在し、かつ二種間で発現量に有意な差があった遺伝子は蛹化後48時間で約300個、蛹化後62時間で約200個検出された。これらの遺伝子の中から候補遺伝子を抽出し、発生途中の交尾器における発現場所の特定を進めた。

A - 2★

ムナスジショウジョウバエ類における生殖器の構造と機能の比較

○大宮悠1、小沼萌2、上村佳孝3、澤村京一4

1,2筑波大・院生命地球・生物、3慶応大・生物、4筑波大・生命環境

動物の生殖器は進化速度が速く、雌雄の生殖器は交尾時に噛み合うように進化する。こうした生殖器の進化を説明する仮説は複数提唱されており、その検証には近縁種間で雌雄の生殖器形態と機能の詳細な比較検討が必要である。カオジロショウジョウバエ類では、雌雄の生殖器の形態に対応が見られるが、その共進化の過程は不明だった。そこで本研究では、雌雄生殖器の形質の系統樹上での獲得・喪失を明らかにすることを目的として、主に姉妹群のムナスジショウジョウバエ類を対象に、雌雄の生殖器形態、その交尾中のカップリングの状態と、メスの交尾時創傷の観察を行った。その結果、オス生殖器の構造（エデアグスの尖った部位や下陰板突起）に対応するメス生殖器の構造（膜の陥入や硬化）が存在し、その近傍に交尾時創傷が見られたことから、ムナスジショウジョウバエ類においても雌雄の生殖器形態が共進化していると考えられた。また、カオジロショウジョウバエ類とムナスジショウジョウバエ類の比較では、雌雄で対応する生殖器の形質の状態とその組み合わせが多様であり、形質の獲得・喪失が頻繁に起きていることが示唆された。

A - 4★

深層ニューラルネットワークによる特徴抽出を利用したチョウ翅模様の類似度定量化

○網野 海 (東京大学 農学生命科学研究科)、平川 翼 (中部大学 中部高等学術研究所)、矢後 勝也 (東京大学 総合研究博物館)、松尾隆嗣 (東京大学 農学生命科学研究科)

ベイツ型擬態・ミュラー型擬態を実証する際には、捕食者を用いた学習実験か、形態計測による類似度の評価が行われる。後者において、どの形質に着目して類似度を評価するのかは、これまで実験者の判断に委ねられてきたが、擬態の完成度を決定するのは捕食者であり、人間が恣意的に選んだ形質の類似度のみで適切な評価ができるとは言えない。一方、近年注目を集める深層学習では、画像分類などのタスクをこなすのに必要な特徴量を機械が自ら学習する。すなわちAIが獲得した特徴量の中には、人間が言語化できておらず、かつ捕食者にとって重要な形質が含まれている可能性があり、注目に値する。

我々は擬態が疑われる南西諸島のチョウ類標本を撮影し、ImageNetを元に学習済みの画像分類ネットワークが出力した特徴マップの距離に基づき、標本画像間で類似度を算出した。次に、既に捕食者を欺けることが実証されているベイツ型擬態関係のシロオビアゲハ・ベニモンアゲハの類似度を基準に、まだ実証が行われていない事例について擬態/非擬態の定量的判断を行った。また、類似度への寄与が大きい特徴マップの可視化を行い、AIがどの形質に着目しているのかについても考察する。

A - 5★

蛾において性限定擬態が進化するための前適応

○矢崎 英盛, 林 文男 (都立大・生命)

色彩の性的二型の進化は、一般に、色彩認知を介した同性間闘争や配偶者選択、あるいは鳥などの視覚的捕食者の色彩学習を介したメス限定擬態によって説明される。こうした色彩の性的二型は、鱗翅目では昼行性の蝶でよく知られるが、夜行性種の多い蛾では稀であり、研究もほとんどない。ドクガ亜科（トモエガ科）の蛾では、♂の翅が♀に比べて暗色となる例が比較的よく認められるが、これは蝶では見られない性的二型のパターンである。そこでドクガ亜科の複数種について、まず活動の日周性を計測した結果、♂が暗色の種では、♂は薄明薄暮あるいは日中に飛翔し、♀は主に夜間に飛翔するという日周活動の性差が確認された。次に薄明時間帯における雌雄の被捕食率を野外実験で調べた結果、暗色の♂は明色の♀に比べて捕食されにくかった。つまり、♂の翅の暗色は、鳥などの視覚的捕食者の選択圧が♂に特異的に働いた結果、隠蔽機能が進化したものと考えられた。一部の種（無毒）では♂の翅色彩が別の昼行性の黒い翅の有毒の蛾と類似しており、これは♂の翅の隠蔽的暗化を「前適応」として、ベイツ型のオス限定擬態が進化した希少な例として説明可能であると考えられる。

B - 2★

シロアリの雄特異的に発現する性決定遺伝子 doublesex の下流制御の解析

○藤原克斗 (富山大・学術・理)、宮崎智史、(玉川大学院・農)、前川清人 (富山大・学術・理)

完全変態昆虫の性決定機構は高度に保存されている。特に性決定遺伝子 doublesex (dsx) が雌雄で異なるアイソフォームを形成し、雌雄の分化調節を担うことは多くの種で共通する。しかし、不完全変態昆虫では、dsx の遺伝子構造や機能の保存性が低い可能性が指摘されている。本研究では、シロアリ複数種を用いて dsx の探索と機能の推定を行った。まず、ゲノムデータとトランスクリプトームデータから dsx の保存領域 (OD1) を探索した結果、シロアリ6種で相同遺伝子が得られた。そのうち2種のシロアリでは、dsx 相同遺伝子の雄特異的な発現が確認された。次に、ショウジョウバエの Dsx の結合配列を使用して、ヤマトシロアリのゲノム配列から Dsx の標的遺伝子を探索した結果、雌雄の生殖虫で発現差のある67遺伝子がリストアップされた。それらの遺伝子のうち、卵黄前駆タンパク質 (Vg)、VgR の発現調節にかかわる POU、精子形成への関与が知られる Piwi、寿命の調節にかかわる ncl-1 は、dsx の RNAi 処理により発現変動が確認された。更に本発表では、CRISPR-Cas9 法を用いたゲノム編集の試みも紹介する。

B - 1★

クシクラゲのペプチド発現神経の特徴と機能から見る神経細胞の進化的起源

Eisuke Hayakawa¹, Christine Guzman¹, ○Osamu Horiguchi¹, Chihiro Kawano¹, Akira Shiraishi², Kurato Mohri¹, Mei Fang Lin³, Ryotaro Nakamura¹, Ryo Nakamura¹, Erina Kawai⁴, Shinya Komoto⁵, Kei Jokura⁶, Kogiku Shiba⁷, Shuji Shigenobu⁸, Honoo Satake², Kazuo Inaba⁷ & Hiroshi Watanabe¹

1: Evolutionary Neurobiology Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan
2: Bioorganic Research Institute, Suntory Foundation for Life Sciences, Kyoto, Japan
3: College of Marine Sciences, National Sun Yat-Sen University, Taiwan
4: Marine Climate Change Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan
5: OIST Imaging Section, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan
6: Living Systems Institute, University of Exeter, Stocker Road, Exeter, EX44QD
7: Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba, Shizuoka, Japan
8: Trans-Scale Biology Center, National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan

後生動物は多細胞化の過程で神経や筋肉などの動物特異的な細胞種を獲得してきたが、その進化的起源は未だ不明な点が多い。クシクラゲ類は最も初期に分岐した神経細胞をもつ動物であり、神経細胞の初期進化を理解する上で重要な系統であるが、その神経に関する知見は乏しい。クシクラゲのゲノムに既知の神経関連遺伝子が見つからないことなどから、独自に神経系を獲得した可能性が指摘されるなど神経の進化的起源に関する議論は混乱している。

今回我々は、Peptidomics 技術によって配列相同性から同定することが困難な短鎖神経ペプチドをクシクラゲから多数同定した。また神経ペプチドの機能解析や神経ペプチド発現細胞の遺伝学的性質から、最も祖先的な神経系はペプチド作動性であることが示唆された。本発表では、今回得られた最新の知見をもとに神経細胞の進化的起源についても議論したい。

B - 3★

ネバダオオシロアリの兵隊分化における嗅覚共受容体遺伝子 Orco の機能解析

○花田拓巳 富山大・院・理工、神田智巨 富山大・理・生、芦原流聖 富山大・理・生、前川清人 富山大・学術・理

シロアリは形態や行動が各々の役割に特化したカーストをもつ。カースト分化や社会行動を制御するには、個体間のシグナル伝達が重要である。しかし、カースト分化を調節するシグナル伝達機構は、適切な材料が少なく、未だ十分に理解されていない。フェロモンなどの嗅覚分子の受容は嗅覚受容体 (ORs) が主な役割を担い、ORs は嗅覚共受容体 (Orco) と複合体を形成することで機能する。本研究は、自然条件下の兵隊分化を観察可能なネバダオオシロアリ *Zootermopsis nevadensis* の初期巣を用いて、兵隊分化における ORs/ Orco の機能解明を目指した。本種の初期巣では、最初の3齢個体 (No. 1) が生殖虫から頻繁に栄養交換を受けて兵隊に分化する。そこで、No. 1 に対して、Orco の RNAi を行い、栄養交換の頻度と兵隊分化への影響を調べた。その結果、Orco の RNAi 個体では、生殖虫との栄養交換の頻度が有意に低下した。更に、Orco の RNAi 個体の兵隊分化率も有意に低下し、多くの個体が4齢に脱皮した。以上の結果は、ORs /Orco がシロアリの兵隊分化に重要な機能を担うことを示唆する。

B - 4★

脊椎動物初期進化の過程でドメインシャッフリングによって獲得された新規遺伝子の探索

○仮屋山博文¹, 川島武士², 尾崎遼³, 和田洋⁴

¹筑波大学大学院医学学位プログラム, ²国立遺伝学研究所, ³筑波大学医学医療系, ⁴筑波大学生命環境系

脊椎動物は感覚器官の集中した頭部や獲得免疫機構などさまざまな新規形質を獲得した。これらの新規形質に貢献している遺伝的背景として、異なる遺伝子上の機能ドメインが組み合わされるドメインシャッフリングが報告されている。

脊椎動物は初期進化の過程で顎のない円口類と顎をもつ顎口類に分岐した。顎口類の共有形質は円口類との分岐前に獲得された形質と分岐後に獲得された形質に分かれる。円口類のゲノム情報が公開されたことで、先行研究より高い解像度で新規形質と新規遺伝子の獲得タイミングを推定可能になった。

本研究では21種の後生動物のゲノムを比較し、脊椎動物、顎口類、円口類の共通祖先がドメインシャッフリングによって獲得した遺伝子を探索した。その結果、脊椎動物の新規遺伝子候補には軟骨基質など脊椎動物の新規形質と関連するものが、顎口類の新規遺伝子候補は顎口類の獲得免疫系など顎口類の新規形質と関連するものが、それぞれ含まれていた。一方で、脊椎動物の新規遺伝子候補には顎口類の新規形質であるミエリン鞘形成制御に貢献している遺伝子が含まれていた。本発表では新規遺伝子の獲得と新規形質の獲得の関連について議論したい。

C - 1★

浅海から汽水域における異なる環境への魚類の環境適応

○長田美沙（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）、寺井洋平（総合研究大学院大学 先導科学研究科）

海河川では水中の塩濃度や光環境が大きく異なる。本研究では海と河川に生息するクサフグの眼が、どのように異なる環境へ適応しているかを明らかにするために、海と河川で採集を行い全遺伝子発現量比較を実施した。クサフグでは色覚オプシンのうち青色の光を吸収する2つのプシン遺伝子が欠失しており、緑(RH2)と赤(LWS)の光を吸収するオプシン遺伝子のみが発現していた。また、河川のクサフグは海に比べてシャペロン遺伝子の発現量が上昇していた。次に、海産のトラフグ・ショウサイフグ(海産フグ)と、河川産のミドリフグ(河川フグ)を用いて同様の解析を実施した。海産フグおよび河川フグでも同様に色覚オプシンではRH2とLWSのみが異なるパターンで発現しており、クサフグの発現パターンは海産フグと河川フグの中間に位置した。これによりクサフグの視覚は海と河川の両方の光環境を1つの環境として適応している可能性が示唆された。また、河川のクサフグのみでシャペロン遺伝子の発現量が上昇しており、クサフグが海から河川に侵入する際に、異なる塩濃度でも正しく眼を形成維持するためにシャペロン遺伝子が多く発現していると推測した。

B - 5★

免疫関連遺伝子の発現消失がもたらしたシクリッドの唇肥大化平行進化

○畑島諒¹、豊田敦²、梶谷嶺¹、伊藤武彦¹、二階堂雅人¹

¹東京工業大学生命理工学院、²国立遺伝学研究所

東アフリカ三大湖（ヴィクトリア湖、マラウィ湖、タンガニカ湖）に生息するシクリッドは適応進化のモデル生物である。なかでも「肥大化した唇」は平行進化の好例であり、異なる湖の遺伝的に遠縁なシクリッド間で共通に唇の肥大化が観察されている。本研究では、ヴィクトリア湖に生息する唇の厚い種と通常の種を用いたQTL解析、発現比較(RNA-seq, qPCR)、集団遺伝解析を通じて、マイクロフィブリル関連グリコタンパク質4をコードする遺伝子すべての発現消失が唇肥大化の平行進化メカニズムであることを明らかにした。さらに、発現局在解析 (in situ hybridization) によりマイクロフィブリル関連グリコタンパク質4は粘液を分泌する杯細胞で発現していることがわかった。また、一般に免疫反応は組織の線維化をもたすが、厚い唇をもつ種の唇では弾性線維やコラーゲン線維が正常に形成されていないことが組織学的観察で明らかとなった。したがって、厚い唇をもつ種ではマイクロフィブリル関連グリコタンパク質4の発現消失により免疫反応および線維化が抑制されていると考えられる。これに伴う唇の張力低下が唇肥大化の平行進化メカニズムであると予想される。

C - 2★

異質4倍体であるアフリカツメガエルのcxcl12同祖遺伝子の解析

太田速斗（中央大学理工学部生命科学科）

アフリカツメガエルは約1800万年前と比較的最近異質4倍体化

したと考えられる。そのため、サブゲノムがよく保存されており、WGD後のゲノムの変化を調べる良い材料であると考えられる。ここでは、ケモカインの一種であるcxcl12について、初期胚における機能を中心に解析をおこなった。同祖遺伝子であるcxcl12.Lとcxcl12.SについてqPCRで発現解析を行ったところ、cxcl12.Lがcxcl12.Sより高い発現を示した。また、CRISPR/Cas9システムを用いたノックアウト実験では、原腸形成異常が見られた。cxcl12.L, cxcl12.Sの個別のノックアウトと比較し、ダブルノックアウトでは高い異常率が観察された。アンブリコン解析では、ノックアウト胚のうち約90%でゲノムに変異が見られ、高効率でゲノム編集が行われていたことが示された。これらの結果から、発現量に差があるにも関わらず、原腸形成においてはcxcl12.Lとcxcl12.Sの両同祖遺伝子が必要であることが示唆された。

C - 3★

ゲノムワイド解析による日本列島のアカハライモリの集団遺伝構造の解明

○城間大輝¹、松波雅俊²、島田知彦³、松井正文⁴、永野惇⁵、富永篤^{1,6}

¹琉球大学大学院理工学研究科海洋自然科学専攻、²琉球大学大学院医学研究科、³愛知教育大学自然科学系理科教育講座、⁴京都大学大学院人間・環境学研究科、⁵龍谷大学農学部、⁶琉球大学教育学部

日本固有種のアカハライモリには、mtDNA解析の結果から、側所的に分布する5系統が含まれる。各系統の分布境界には交雑帯が形成され、様々な程度の交配前隔離が観察される。従って本種は生物の多様化プロセスを考えるうえで格好の研究対象である。本研究では本種の詳細な集団遺伝構造および交雑の状況を解明することを目的とし、分布域全域をカバーする28地点から得られた130個体についてddRAD-seqによるゲノム解読を行った。マイナーアリル頻度0.02%未満、欠損値が10%以上のSNPおよび、SNPの欠損値が30%以上の個体を除外し、得られた124個体、約4万SNPsのデータで集団遺伝解析を行った。主成分分析およびadmixture解析の結果、本種は北日本、中部日本、西日本の3群に大きく区分された。各群内にも複数のサブグループが見られ、さらに3群の分布境界には交雑集団(長野県信更、静岡県河津、兵庫県淡路、岡山県新見)の存在も確認された。mtDNAでは西日本系統の和歌山集団は、核ゲノムでは中部日本群に含まれ、核-mtDNA間に不一致が見られることから、過去の交雑が示唆された。

C - 5★

コウモリの顔面にできる膜、“鼻葉”の創出機構をさぐる

○臼井 郁（東邦大・院理・生物）、土岐田昌和（東邦大・理・生物）

コウモリ類は翼と反響定位能を獲得したことで、暗黒下で飛翔する獲物を捕らえるという独自の生態的地位を築き上げた。反響定位を行うコウモリの多くは口から超音波を発射するが、鼻から超音波を発射する種も少数知られている。後者は鼻から発射された超音波を収束させる役割を担う“鼻葉”と呼ばれる上皮性付属器を備える。しかし、胚期に顔面の上皮組織が伸長・突出することでもたらされる鼻葉の形成を司る分子・細胞基盤はよくわかっていない。演者は鼻葉をもつキクガシラコウモリ（*Rhinolophus ferrumequinum*）と鼻葉をもたないエジプトルーセットオコウモリ（*Rousettus aegyptiacus*）ならびにユビナゴコウモリ（*Miniopterus fuliginosus*）の胚発生様式を比較することで、コウモリの鼻葉がいかにして獲得されたか調べてきた。比較形態学的調査により、キクガシラコウモリでは表情筋の1つであるM. maxillolabialisが洞毛基部ではなく鼻葉内部に停止することを突き止めた。現在、鼻葉形成を司る分子基盤の全貌解明を目指して、次世代シーケンサーを利用した比較トランスクリプトーム解析を進めている。本発表ではこれまでの成果と今後の展望について報告する。

C - 4★

集団ゲノム配列解析による東アジアにおける野生ハツカネズミの移住・混合様式の解明

○藤原一道（北海道大学大学院情報科学院）、鈴木仁（北海道大学大学院地球環境科学研究院）、長田直樹（北海道大学大学院情報科学研究院）

ハツカネズミ(*Mus musculus*)はヒトに共生的な動物であり、農耕の歴史と共に世界中に拡散し個体数を増やしたと考えられている。ハツカネズミはインド亜大陸北部を起源として主に3つの亜種に分岐したと見られている。このうち東アジアに生息するのはM. m. castaneusとM. m. musculusであるとされ、またその2つの亜種の混合種も生息していると推測されている。本研究では、東アジアの広範囲から捕獲された野生ハツカネズミの全ゲノム配列を用い、野生ハツカネズミの移住や混合様式を解明した。特に中国大陆と日本列島においては亜種の混合が広範囲の地域で生じている事が観察された。また解析の結果から中国大陆と日本列島のハツカネズミは、常染色体・X染色体・ミトコンドリアがM. m. castaneusとM. m. musculusの2つの亜種由来の遺伝的要素を示すのに対して、Y染色体は全てM. m. musculus由来の遺伝的要素を持つという異なる傾向を示し、M. m. musculusのオスが広範囲に移動する事が示唆された。さらに日本列島に注目すると日本海側のサンプルの方が太平洋側のサンプルよりもM. m. castaneus由来の遺伝的要素の混合度が高く、先行研究とは異なる結果を示した。これは過去の日本海における海洋交易によって遺伝子移入が生じた可能性が考えられる。

D - 1★

脊椎動物の生活史には分類階級によらない2種類の表現型多様性が存在する

○新垣大幸（大阪大学理学研究科）、藤本仰一准教授（大阪大学理学研究科）

生活史は個体がいつ成熟し、どのくらいの子供を生み、いつ死亡するかを示す表現型の総称である。生活史は生物ごとに多様である。本研究は生活史表現型の分布を調べ、生活史がどのような多様性を示すのかを明らかにすることが目的である。そこで、本研究は多くの種のデータが得られている脊椎動物に着目し、データベースを解析した。

まず、哺乳類と鳥類の生活史データを主成分分析により解析した。その結果、第一、第二主成分は、それぞれ時間に関する表現型(性成熟期や最長寿命など)とlitter sizeから主に構成されていた。さらに、哺乳類と鳥類の目、科は、時間に関する表現型とlitter sizeの一方のみの多様性を示した。

次に、時間に関する表現型を性成熟期に限定して、litter sizeとの関係を調べたところ、性成熟期とlitter sizeの片方のみが多様化する性質が存在した。また、この性質は爬虫類、両生類、魚類にも存在した。さらに、脊椎動物の綱にも同様の性質が存在した。したがって、脊椎動物には性成熟期がlitter sizeの片方のみが多様化する性質が、様々な分類階級に共通して存在した。これは生活史には、どの表現型が多様化するかに対応する2種類の進化が存在することを示唆する。

D - 2★

気孔発生様式の多様性を生み出す仕組みの実験的検証

○ドル有生、古賀皓之、塚谷裕一

東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻

植物のガス交換を担う気孔の発生様式には、種によって多様性がみられる。例えばアブラナ科植物などでは気孔幹細胞が複数回の非対称分裂を経てから気孔を生じるが、キンポウゲ科植物などでは気孔幹細胞が分裂を経ずに気孔へと分化する。しかし、こうした異なる気孔幹細胞のふるまいが生まれる分子基盤は不明であった。一方私たちは最近、属内で気孔発生様式に多様性がみられるオオバコ科アワゴケ属の植物を用いた研究から、鍵転写因子の発現タイミングの種間差がその多様性を生み出しているとするモデルを提唱した。そこで今回は提唱モデルを検証するため、遺伝子操作の容易なシロイヌナズナ（アブラナ科）を用いて、鍵転写因子の発現時期をプロモーターの交換により早める、または遅らせる実験を行なった。その結果、気孔幹細胞の分裂が一部で早期に終結する系統、およびそれが長く持続する系統をそれぞれ得ることができた。すなわち、実際に鍵転写因子の発現時期の変化によって異なる気孔発生様式が生じることが示され、モデルが支持された。発表では以上の結果から、植物の進化過程における気孔発生様式の多様化の仕組みについて議論したい。

D - 4★

変形菌の変形体における異種間の自他認識行動評価

○増井真那^{1,2}、山本フィリップ^{1,2}、富田勝²、河野暢明^{1,2}

¹慶應義塾大学環境情報学部/²慶應義塾大学先端生命科学研究所

多核単細胞生物である変形菌の変形体は同種内であれば別個体との融合が可能である。しかし同種内であっても融合が不可能な場合も多く、変形体は自他認識によりそれを判断し融合／回避といった行動を決定することができるが、判断に関わる物質をはじめとした自他認識行動の実態、機構などはまだ十分に理解されていない。また異種間では融合は起こらないとされているが、自他認識行動を観察されておらず、培養時の行動から融合だけでなく積極的に相手を回避する等、自他認識行動と考えられる反応を行わない可能性がある。そこで本研究では異種間での自他認識行動を評価するために、*Physarum rigidum* イタモジホコリと *Physarum roseum* アカモジホコリの変形体2個体を配置し遭遇時の反応を見る行動試験を実施した。その結果、異種間の変形体2個体が接触した際は同種内で見せるような回避行動等の反応を示さず、相手に対して乗り上げる行動といった同種内とは大きく異なる行動を見せた。このことは自他認識に用いられているシグナル物質は種間で異なることを示唆しており、スクリーニングの範囲を種内に絞り込むことができる。

D - 3★

ポルフィリン生合成経路のALA合成酵素は抗生物質合成酵素を起源とする

○川口 潤¹、森 ひかる¹、岩井 伯隆¹、和地 正明¹

¹東京工業大学 生命理工学院

【背景】ポルフィリンは、ヘムやクロロフィルといった補因子の基本骨格である。その生合成は5-アミノレブリン酸（ALA）の合成から始まるが、これには起源の異なる二つの経路が知られている。一つは植物とほとんどの原核生物が持つC5経路である。もう一つは動物、真菌、原生生物、 α プロテオバクテリア綱が持つ Shemin経路であり、ALA合成酵素（ALAS）がALAを合成する。Shemin経路はその分布からC5経路よりも後に誕生したと予想されるが、その起源は不明である。我々は、抗生物質アラレイシンの合成酵素AlmAがALASの近縁であることを発見した。そこでAlmAとALASの進化的関連性を解析することで、ALASの起源を明らかにすることを目指した。

【結果】AlmAの基質ポケットに二つのアミノ酸置換を施した結果、AlmAの基質特異性がALAS様に変化した。さらに、祖先配列復元によりAlmAとALASの共通祖先を復元した結果、共通祖先酵素はAlmA様の活性を有していた。以上の結果から、ALASはAlmA様酵素を起源とすることが示唆された。これは二次代謝酵素が一次代謝酵素の誕生に貢献したことを示す最初の例となるものである。

D - 5★

植物間相互作用がもたらすスペシャリスト植食者の集中分布

○大崎 晴菜（岩手大学大学院 連合農学研究科）、山尾 僚（弘前大学）

理想自由分布に反して、特定の資源に対する生物の集中的な分布は珍しくない。とりわけ、植食性昆虫の偏った分布の形成要因の解明については精力的に取り組まれてきた。私たちはスペシャリスト植食者の宿主探査能力と宿主植物で生じる植物間相互作用に注目した。スペシャリストは特定の宿主植物を探査するために、宿主植物特異的な化学物質への嗜好性を進化させてきた。また、植物間の相互作用は、葉の化学的性質を可塑的に変化させることがあり、植食性昆虫の分布にも影響する可能性がある。以上の経緯から、植物間相互作用に伴う葉の化学的特性の種内変異がスペシャリスト植食者の集中分布を誘導する可能性について実験的に検証した。野外調査、栽培実験及びメソコスム実験を通し、多年生草本のエゾノギシギシが密集して生育する環境では、宿主植物間での種内相互作用によって葉のフェノール化合物濃度が上昇し、スペシャリスト植食者のコガタハリハムシに嗜好されることで、野外の集中的な分布がもたらされていることが明らかとなった。これらの結果は、スペシャリストにおける宿主探査能力の進化が特定の宿主植物の集中的利用を引き起こしている可能性を示唆している。

E - 1◆

The Open Fern Tree of Life: 常に最新の状態を保つ全シダ植物系統樹に向けて

○ニッタ ジョエル（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）、Eric Schuettpelz (Department of Botany, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution)、Santiago Ramírez-Barahona (Universidad Nacional Autónoma de México)、岩崎渉（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）

約1万2千の種を含むシダ植物は種子植物に次いで二番目に大きな維管束植物のクレードであり、その多様性獲得の全体像については未だ不明な点が多い。活発な系統解析研究が進められてきており、種の数に対する系統解析の研究者数も、例えば被子植物（約36万種）のそれと比べて多いと言える。本発表では、地球規模でのシダ植物の研究に向けて、全シダ植物種のデータを網羅し、常に最新の状態を保つ系統樹作成システムを紹介する。先述のように本分野ではGenBankに頻繁に新しいデータが加えられているため、系統樹を一度作っても、すぐに古いものになってしまうという問題がある。したがって本研究では、GenBankのデータを自動的にダウンロードし、常に最新の系統樹を作成するシステムを構築した。さらに、先行研究の倍くらいの化石の較正点の51点によって分岐年代推定を行い、シダ植物の多様化のタイムラインを大幅に見直した。本研究のコードとデータを公開し、系統樹を取得可能なウェブサイトも提供している (<https://feriphy.github.io>)。今後は本システムによって、シダ植物の多様性獲得のプロセスを明らかにするという大きな目的に寄与したい。

E - 3◆

長寿命植物 *Shorea laevis* における幹細胞突然変異速度と分布について

○今井亮介(九州大・理)、佐々木江理子(九州大・理)、藤野健(東大・新領域)、笠原雅弘(東大・新領域後藤)、谷尚樹(JIRCAS)、陶山佳久(東北大・農)、佐竹暁子(九州大・理)

植物は動物と異なり生殖幹細胞が分化しておらず頂端分裂組織の幹細胞に生じた突然変異が繁殖を通して次世代に伝わる。そのため、体細胞突然変異は、多様な次世代の創出を通じて集団内の遺伝的多様性の維持に寄与すると考えられる。本研究では体細胞突然変異の蓄積速度とパターンを明らかにするために、インドネシアボルネオ島に生息するフタバガキ科樹木 *Shorea laevis* を対象に、新規ゲノムの構築と個体内および個体間に存在する点変異の検出を行った。その結果、新生突然変異率の平均値は 1.29×10^{-9} /塩基/年であり、変異数は枝間の物理的距離に従って線形に増加することが明らかになった。個体内突然変異はC:G→T:Aへの変異が多く見られ、約10%の変異がエクソン領域に生じていたが、これらの変異を対象にそれぞれの変異が自然選択を受けたかを検証した結果、いずれの変異もランダムな発生率から有意にずれておらず中立であると結論された。一方で、個体間変異では自然選択を受けていることが確認された。本結果は、樹木が数百年かけて成長する過程で生じる体細胞変異はほぼ中立であるが、次世代の種子が生産され発芽し成木へと成長する過程で選択圧がかかり有害な変異が排除されていることを示唆する。

E - 2◆

ザゼンソウの発熱形質は寒冷適応に寄与するか？

○佐藤 光彦（かずさDNA研究所）、松尾 歩（東北大学）、大塚孝一（長野県植物研究会）、高野(竹中) 宏平（長野県環境保全研究所）、牧 雅之（東北大学）、岡野 邦宏（秋田県立大学）、陶山佳久（東北大学）、稲葉 靖子（宮崎大学・東北大学）

発熱植物は現在90種ほどが知られており、花が発熱することで匂いを拡散して送粉者を誘引している可能性が考えられている。その多くが温暖な地域に分布するが、サトイモ科のザゼンソウ属は唯一寒冷地での開花、発熱が報告されている。もしザゼンソウ属の発熱が寒冷適応に寄与しているのであれば、氷河期の生育分布や現在の遺伝的多様性にその痕跡が見られると考えられる。そこで日本国内に生育する発熱種のザゼンソウと非/微発熱種のヒメザゼンソウを対象に、MaxEntによる生態ニッチモデリングと系統地理学的解析による比較から発熱形質が寒冷適応へ寄与しているかどうかを検討した。その結果、両種とも積雪量が分布の制限要因として重要であること、最終氷期にはヒメザゼンソウの分布縮小とザゼンソウの分布拡大の傾向が見られた。また遺伝的多様性はザゼンソウでより高い傾向が見られたが、核と葉緑体で系統関係が一致せず、ザゼンソウの花粉と種子、種間で異なる散布パターンが推測された。これらからザゼンソウ属における発熱形質の有無が積雪地域への適応や花粉散布の程度に寄与している可能性について議論したい。

E - 4◆

地衣類イオウゴケの化学合成共生系の確立と極限環境への適応

○河野美恵子（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）、田辺秀之（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）、寺井洋平（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）

深海では熱水噴出孔から湧き出る硫化水素などを化学合成細菌と共生することでエネルギー源として利用し極限環境に適応した共生系が知られている。一方、陸上ではこれまで化学合成細菌を含む共生系の報告はない。そこで本研究では硫化水素を噴出する噴気孔周辺にのみ生息する地衣類イオウゴケに着目し、菌類・藻類の二者共生と考えられてきた共生系に化学合成細菌が関与している可能性を調べた。日本各地（北海道、青森、群馬、神奈川、熊本）の硫化水素噴気孔周辺で採取したイオウゴケの共生体からDNAを抽出し、次世代シーケンサーを用いてメタゲノム解析を行った。結果、全サンプルで共生菌・共生藻以外にも共通するバクテリア配列が確認され、一種のバクテリアが共生菌に次ぐ量存在することが明らかになった。バクテリアのゲノムデータ中には硫化水素の代謝に関わる遺伝子配列が同定され、RNA-seqによりそれら遺伝子の発現も確認できた。以上からイオウゴケはバクテリアとの共生によって硫化水素から化学エネルギーを得る、陸上で始めて報告される共生系である可能性が示唆された。

E - 5◆

A rooted phylogeny resolves early bacterial evolution

○Adrián A. Davin (1,2), Gareth A. Coleman (3), Tara A. Mahendrarajah (4), Lénárd L. Szánthó (5,5), Anja Spang (4,7), Philip Hugenholtz (2), Gergely J. Szóllósi (5,6,8), Tom A. Williams (3)
1 The University of Tokyo, 2 Australian Centre for Ecogenomics, The University of Queensland, Australia, 3 School of Biological Sciences, University of Bristol, UK, 4 Royal Netherlands Institute for Sea Research, Netherlands, 5 Department of Biological Physics, Eötvös Loránd University, Hungary, 6 MTA-ELTE Evolutionary Genomics Research Group, Hungary, 7 Uppsala University, Sweden, 8 Institute of Evolution, Centre for Ecological Research, Hungary.

Bacteria are the most diverse and abundant life forms on Earth, and yet, some of the most basic questions regarding their evolutionary history remain unanswered. In this work we use phylogenetic reconciliations to address some of the most important open questions on bacterial evolution, such as the position of the phylogenetic root, the amount of Lateral Gene Transfer (LGT) across their evolutionary history and whether we can really talk about a tree of bacteria at all; the timing of bacterial speciation, the importance of Candidate Phyla Radiation (CPR), which have recently been proposed as a fourth domain of life; and the nature of the Last Bacterial Common Ancestor (LBCA). Our results support a root between the two major clades of Terrabacteria (Cyanobacteria, Actinobacteria, Firmicutes, etc) and Gracillicutes (Proteobacteria, Bacteroidetes, etc), which largely corresponds to the classical division of bacteria between Gram-positive and Gram-negative bacteria. CPR seems to be a diverse clade within Terrabacteria but not the fourth domain of life. Our analyses also suggest that it is possible to recover robust phylogenies even in the presence of very frequent LGT and that the LBCA was already a complex organism, with a fully-fledged motility system and a double membrane.

F - 2◆

網羅的対偶遺伝学：遺伝子の二者択一進化を利用した機能未知遺伝子の新規機能予測法

○大前 公保¹、西村 祐貴¹、富永 賢人¹、岩崎 渉¹
¹ 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

原核生物では類似した機能を持ちながら相同ではない遺伝子同士が進化の過程でしばしば置き換わることが知られる。我々はこの“遺伝子の二者択一進化”を網羅することで、多数の機能未知遺伝子の機能を相同性に依らずに推定した（網羅的対偶遺伝学）。約 2.7 万種の高品質なゲノムを用いてドメインから属のあらゆる分類群で任意のオルソロググループ（遺伝子）の組み合わせの存在を集計し、8 割以上の種で逆相関の分布パターンを示す組を二者択一進化した“対偶ペア”として抽出した。総計 96 万対のユニークな対偶ペアが同定された。多数の分類群で検出された対偶ペアは進化の過程で頻りに置き換わり（最大 333 回）、類似した機能を有することが確かめられた。遺伝子の二者択一進化はイソプレノイド生合成系や TCA 回路で頻りに起こる他、一部は原核生物の生息環境の違いに起因することも示された。55 個の機能未知遺伝子は既知遺伝子と広範な系統で対偶ペアを形成し、類似あるいは補完的な機能を有すると推定された。中でも DNA 修復に関わるヌクレアーゼ遺伝子と対を成す機能未知遺伝子が構造的特徴を共有することを示し、推定の有用性を裏付けた。

F - 1◆

ヒトAPOBEC3遺伝子調節領域にかかる平衡選択とウイルス感染爆発の痕跡

○藤戸尚子¹、Revathi Devi Sundaramoorthy¹、颯田葉子²、井ノ上逸朗¹

1.国立遺伝学研究所 人類遺伝 2.総合研究大学院大学 先端科学研究科

APOBEC3酵素は、ウイルスゲノムに突然変異を導入することでウイルスの複製を阻害し感染を防ぐ。APOBEC3の7つのファミリー遺伝子は22番染色体の200kbほどの領域に隣接して存在し、発現パターンとウイルス特異性において互いに異なることが知られている。本研究では、APOBEC3クラスター内の調節領域(16 kb)に、平衡選択の痕跡を見出した。この平衡選択にかかる複数のハプロタイプグループは、系統樹上でそれぞれ、正の自然選択を示唆する星形樹形を示す。このうちグループAは非アフリカ集団、アフリカ集団で共に高頻度（～50%）に見られ、塩基多様性及びアレル内多様性を用いた解析により、どの集団でもグループのTMRCAは約6万5千年前と推定された。これはヒトの出アフリカ移住の時期に重なり、出アフリカ以前に人類が経験したウイルス感染爆発の存在を示唆する。これに対し、グループBはアフリカでも保存されているものの、非アフリカ集団では同じ祖先型ハプロタイプから約6万年前に拡散したことが示され、アフリカ集団と非アフリカ集団の分岐後に起きた感染爆発が示唆された。平衡選択としての特色と合わせて議論したい。

F - 3◆

胃がん関連遺伝子PSCAに見られるヒト集団間の正の自然選択ターゲットの多様性

○岩崎 理紗（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）、颯田葉子（総合研究大学院大学・先端科学研究科/総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター）

rs2294008は各種のがんの発症と関連するPSCA遺伝子上に位置する。このSNPのCアレルは胃がん発症の低リスク化に関連し、このアレルを含むCCA及びCAGの2ハプロタイプは各人類集団に共有されているが、近縁な集団同士であっても頻度は様々である。我々は、サイト頻度スペクトラム及びABC法に基づき、各人類集団でこの領域の自然選択の有無や、その開始時期を調べた。結果、(i)ターゲットのパターンは各集団でCAGのみ、CCAのみ、CAG及びCCA、シグナルなしの4種類に分かれたが、(ii)遺伝的に近縁な集団同士であっても、ターゲットとするハプロタイプは必ずしも同じではなく、(iii)アジア集団ではターゲットが複数回切り替わっていた。また、(iv)自然選択の開始は出アフリカ以降の分集団化が進む時期（3-55kya）で、これは集団分化に関連する既存の遺伝子群の自然選択の開始時期とも重なっていた。以上のことは、PSCAにおいて集団の“適応的”なハプロタイプは時間的・空間的に異なり、環境の変化に応じて容易に切り替わることで、各集団に特異的な自然選択のターゲットパターンが生じたことを示唆している。

F - 4◆

Genetic differentiation and balancing selection signature of olfactory receptor multigene family in human populations

OMuhammad Shoaib Akhtar, Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo
Yoshihito Niimura, Department of Veterinary Sciences, Faculty of Agriculture, University of Miyazaki, Japan
Kazushige Touhara, Department of Applied Biological Chemistry, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo, Japan
Amanda D. Melin, Department of Anthropology and Archaeology & Department of Medical Genetics, University of Calgary, Canada
Shoji Kawamura, Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, Japan

Olfactory receptor (OR) gene family is comprised of hundreds of intact and disrupted genes in humans, many of which show copy number variations (CNV). These intact/disrupted and CNV polymorphisms lead to olfactory perceptual variation. However, little is known about OR genetic variation in many human populations. We used targeted capture and massive parallel sequencing to examine genetic variation of OR genes for 410 Asians, Europeans, and Africans. The capture probes were designed for 398 intact OR genes in the human reference genome hg38, and 85 neutral references. Probes were also designed for four unannotated and 99 'nearly-intact' OR genes in hg38 and 53 chimpanzee OR genes in the Pantro3.0 genome database with no orthologs in hg38. Our research revealed 134 OR genes as segregating pseudogenes and CNVs in 176 OR genes. Principal component analysis and genetic distance matrix, dA, showed OR repertoire to be differentiated across study populations. Tajima's D suggested balancing selection to maintain allelic differences in OR genes. These results also demonstrate that the targeted capture by probes with diversity-oriented design is far more effective than a whole-genome approach to reveal polymorphisms for the OR multigene family.

G - 1◆

形態測定学による鳥類の無飛翔化における異時性仮説の再検討

渡辺順也 (University of Cambridge)

鳥類においては多くの系統でしばしば繰り返し飛翔力が失われており、このような急速な進化を引き起こすメカニズムとして、個体発生における形態変異の速度やタイミングの変化、いわゆる異時性が重要な役割を果たしているという説が伝統的に受け入れられてきた。しかし実際には、鳥類骨格の個体発生に関する定量的なデータはほとんど存在せず、異時性の仮説は成体の形態に関する定性的・類型学的な議論のみに基づいていたというのが実態である。そこで本研究では、鳥類骨格の孵化後の個体発生のデータを用い、この仮説の論拠である無飛翔性鳥類の形態の再検討を行う。特にいわゆる水鳥系統およびチドリ目に属する6種の鳥類の個体発生経路と約130種の成体間の変異を対象に、四肢骨格の計測値の形態測定学的解析を行った。結果として、無飛翔性の種の多くの四肢骨格形態には、想定祖先の個体発生経路に沿った方向よりむしろそこから逸脱した方向の変異のほうが顕著に見られること、また個体発生経路は近縁種間でも保持されていない、つまり純粋な異時性とは非整合的な例が多いことが示された。つまり、無飛翔性鳥類の形態的特徴は、単純な異時性では説明できない。

F - 5◆

スラウェシマカク種間における広範囲のgene flow

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

(1)総研大・統合進化科学研究センター、(2)ボゴール農科大学、(3)京大・ヒト行動進化研究センター

スラウェシマカクはスラウェシ島(インドネシア)に固有に生息し、形態的に異なる7種に分化している。これら7種は異所的に分布している一方で、それらの境界では交雑個体が観察されているため、種間のgene flowの可能性が報告されていた。しかし、これまでにスラウェシマカクにおける遺伝的分化とgene flowの程度は調べられておらず、本研究はそれらを明らかにすることを目的としている。これまでにスラウェシマカク6種(M. nigra/nigrescens/hecki/tonkeana/maurus/ochreate)のエキソーム配列を次世代シーケンシングにより決定し、アカゲザル(M. mulatta)のゲノムをリファレンスとしてマッピングを行った。これらのデータからSNPsを抽出し解析に用いた。系統解析と主成分分析から、スラウェシマカク各種の遺伝的分化が示された。またPatterson's D statisticにより、分布域が隣接する全てのスラウェシマカク種同士でのgene flowが検出された。gene flowが検出されたゲノム領域中の遺伝子では、免疫関連遺伝子の割合が有意に多いことがGOエンリッチメント解析から示され、gene flowがスラウェシマカクの免疫の多様性に貢献している可能性が示唆された。以上から、スラウェシマカク各種はgene flowがありながらも種の分化を維持していると考えられ、今後その機構について探る予定である。

G - 2◆

イトヨにおけるヒストンの各種メチル化領域の同定系の確立と遺伝子発現との相関

○奥出紘太、山崎曜、豊田敦、北野潤
国立遺伝学研究所

"近年、ヒストンのメチル化やアセチル化といったエピジェネティックな修飾が、遺伝子の発現制御に大きな影響を与えていることが明らかになりつつある。これらの修飾は、近縁種間・集団間での程度異なっており、塩基配列の多様性に影響を与えるのだろうか？

本研究では、進化生物学のモデルであるトゲウオ科魚類のイトヨに着目し、近年報告されたCUT&Tag法を用いて、イトヨの全脳・エラ・肝臓・生殖腺の4組織における、4つのヒストンメチル化修飾のあるDNA配列を同定した。その結果、H3K4me1 (他の生物で活性型エンハンサー領域に局在)・H3K4me3 (プロモーター領域に局在)のシグナルが近傍にある遺伝子は高い発現量を、H3K27me3 (抑制型エンハンサー領域に局在)のシグナルが近傍にある遺伝子は低い発現量を示す傾向があった。さらに、H3K9me3 (ヘテロクロマチン領域に局在)のシグナルが、セントロメア周辺に局在しており、他の生物の知見と同様のヒストンメチル化の機能がイトヨでも示唆された。以上を踏まえて、近縁種や集団間におけるFst等の集団遺伝学的指標との相関関係についても議論したい。

G - 3◆

イトマキヒトデ幼生の遺伝子発現と脊索動物胚の比較

○畠永斉（中部大学先端研究センター）、西辻光希（沖縄科学技術大学院大学 (OIST)）、佐藤矩行（沖縄科学技術大学院大学 (OIST)）

水腔動物は棘皮動物と半索動物からなる分類群で、脊索動物の姉妹群である。水腔動物はディブリュールラ幼生と呼ばれる類似した型の幼生を持ち、この幼生は水腔動物の共有は整形質であると考えられる。このことから、水腔動物の初期発生過程は祖先的な形態を維持していることが期待できる。そのため、水腔動物の発生過程を脊索動物の発生過程と比較することは、脊索動物のボディプラン進化を知る手がかりとなる。

水腔動物の遺伝学的情報は多くがウニ類に集中しているが、ヒトデ類の幼生はより祖先的な容態を反映していると考えられる。しかしヒトデ類の発生過程における遺伝子発現の情報は限られており、脊索動物の発生過程と比較するには不十分である。本研究ではイトマキヒトデの原腸胚から初期幼生にかけてのシングルセルトランスクリプトーム解析を行い、得られたデータのUMAP解析を行った。

この解析の結果、いくつかの組織で脊索動物の組織と比較可能な遺伝子発現がみられた。本研究では、これらの解析結果を元に、脊索動物のボディプランの進化過程に関する新たな仮説を構築した。

G - 5◆

ナマコ類における生物発光の分布と進化

別所-上原 学（名古屋大学 高等研究院）

生物が自ら光を生み出す現象である生物発光は、海洋環境において普遍的に見つかっており、とくに200mより深い深海域の底生生物の30-50%（個体数比）は発光生物と考えられている。棘皮動物門ナマコ綱はおおよそ1700種を含む底生生物からなる動物群である。浅海性のナマコからは発光種は報告されていないが、これまでに32種の発光種が深海から見つかっており、ある海域の調査地では海底マクロ生物のうち発光性ナマコが94%を占めるという報告もある。このように発光性ナマコは、地表面の半分以上を占める深海域の主要な構成生物であるにもかかわらず、ナマコ類の生物発光形質に着目された研究はほとんどなく、発光種の分類学・系統学的分布や、生理学、組織学、生化学などの知見は非常に乏しい。そのため、ナマコ類における生物発光の進化に関する研究はこれまでになかった。本発表では、深海調査から新たに見つかった発光種を報告し、ナマコ類全体における発光種の分布を整理した。さらに、分子系統解析によりナマコ類において、発光形質が独立に6回獲得されたことを報告する。

G - 4◆

初期胚における遺伝子発現の揺らぎと進化の関係を探る

安岡 有理（理研IMS）

多細胞生物の新たなボディプランや細胞タイプを生み出す大きな原動力の一つは、胚発生期における遺伝子発現制御ネットワークの繋ぎ換えである。では、この制御ネットワークはどれほど頑健性と可塑性を備え、どのような法則で進化に貢献してきたのだろうか？その問いに答えるべく、私はネッタイツメガエル初期胚をモデルとして、個体間の遺伝子発現の多様性を1胚RNA-seq解析によって網羅的に定量化した。実験には分岐の古い2種類の近交系統を用い、遺伝的バックグラウンドの違いを明確にするとともに、兄弟胚間での遺伝的な差異を可能な限り小さくした。解析の結果、兄弟胚間での遺伝子発現のばらつき（これを「揺らぎ」と定義）が、実験バッチ間でのばらつきおよび系統間でのばらつきと正に相関することを見出した。さらに、揺らぎの大きな遺伝子群ほど、系統間での発現量の差も大きいことを明らかにした。これらの結果は、遺伝子発現の揺らぎが進化の方向性と相関関係にあることを意味している。現在、発生段階間での揺らぎの違い、転写因子機能阻害胚における発現変動、1細胞レベルでの揺らぎ、などに焦点を当てて研究をさらに進めている。

H - 1◆

シングルセル解析によるがんの薬剤抵抗性メカニズムの解明

○瀬戸陽介（公益財団法人がん研究会 がん化学療法センター）
藤田直也2、片山量平1

1, 公益財団法人がん研究会がん化学療法センター基礎研究部
2, 公益財団法人がん研究会がん化学療法センター所長

肺がんの約半数は上皮成長因子受容体遺伝子（EGFR）を活性化する遺伝子変異によって発症し、その治療にはEGFRを標的とした分子標的薬が広く用いられている。このような分子標的薬は劇的な治療効果をもたらしてきたが、薬剤存在下でも薬剤抵抗性を示し生存する治療残存がん細胞群とそこから生じるがんの再発が臨床上大きな問題となっている。本研究では、EGFR活性化変異陽性肺がん患者由来の細胞を材料にして、治療残存細胞が持つ薬剤抵抗性の分子メカニズムを明らかにするためにシングルセルRNA-seqやシングルセルATAC-seqを用いた。これまでの結果から、薬剤抵抗性がん細胞では分子標的薬の処理により炎症応答や抗アポトーシス応答が活性化されることが分かった。また、分子標的薬処理に対する遺伝子の応答性にはがん細胞集団内でも不均一性があることが明らかとなり、治療残存細胞はこのような不均一性の結果存在していることが示唆された。

H - 2◆

Ploidy dynamics and the single cell gene-expression analysis in the aphid host cells that harbor symbiotic bacteria

○野崎友成¹、重信秀治²

1：基礎生物学研究所・産業技術総合研究所、2：基礎生物学研究所

Aphids have evolved bacteriocytes or symbiotic host cells that harbor the obligate mutualistic bacterium *Buchnera aphidicola*. The cells have the pivotal role in nutritional symbiosis and exhibit large size (100 μ m in diameter), therefore they have been assumed to be polyploid. Here, we revealed the ploidy dynamics in the bacteriocytes of the pea-aphid *Acyrtosiphon pisum*, which were the hyper polyploidy ranging from 16- to 256-ploidy throughout the lifecycle. During post-embryonic development of viviparous females, the ploidy level of bacteriocytes increased substantially, from 16–32 ploidy at first instar nymph to 128–256 ploidy in actively reproducing adults. Cell size were strongly correlated to nuclear size, a proxy of ploidy level, suggesting that cell enlargement by polyploidization can contribute nutritional symbiosis between aphids and *Buchnera*. Then, in order to investigate ploidy-dependent patterns of the gene expression in aphid bacteriocytes, we established “micro-pick single nuclear RNA-seq”. Single nucleus of bacteriome cells were isolated by a specialized picking-up device and used for cDNA library preparation. We successfully analyzed gene expression patterns at the single bacteriocyte level. In this talk, we will discuss future direction of the ploidy study in insects-bacteria endosymbiosis

H - 4◆

仮想生態系を用いた組織的な狩猟行動を支える認知・意思決定機構の探究

筒井 和詩（名古屋大学 情報学研究科）

集団での協調的な狩猟行動は、自然界に広くみられる協力の形であり、社会性の進化に重要な意味をもつ可能性が指摘されてきた。集団狩猟には様々な組織化のレベルが存在することが知られており、その最高位に位置付けられる「コラボレーション」は、捕食者同士が異なる補完的な役割を果たしながら獲物を捕らえる高度な狩猟戦略であると考えられている。この組織化された狩猟行動は主に大型哺乳類に観察されることから、その実現には高度な認知能力が必要だろうと考えられてきたが、近年、鳥類、爬虫類、および魚類においても観察されたという報告が相次いでおり、従来の考え方に疑義がかけられている。そこで本研究では、深層強化学習に基づく仮想生態系を構築することによって、組織化された協調狩猟の基盤となる認知・意思決定過程を探り、一見すると洗練された協調狩猟行動が距離依存的な内部表象を介した観察と行動のマッピングという比較的単純な意思決定過程によって実現することを明らかにした。このことは、コラボレーションが必ずしも高度な認知能力を必要としないこと、さらには協調的な狩猟行動が社会性の進化的起源になりうることを示唆している。

H - 3◆

分子進化速度に基づく種内の遺伝的多型と種特異的選択の予測

○呉佳齊（東海大学医学部基礎医学研究科）、米澤隆弘（東京農業大学農学部）、岸野洋久（東京大学大学院農学生命科学研究科・中央大学AI・データサイエンス社会実装ラボ）

遺伝的多様性がどのように決定づけられるのか、そして遺伝的多様性が様々な生物学的特性とどのように関連しているかは未解明のまま残されている。本研究では、こうした問題に新たな知見をもたらす。哺乳類の14,671座位の遺伝子系統樹における遺伝的変異を、数千個体のヒト、チンパンジー、ゴリラ、マウス、およびイヌ/オオカミのゲノムと比較することにより、種内の遺伝的多様性は、変異率ではなく、長期的な分子進化速度によって予測できることが明らかとなった。この関係性は、哺乳類の初期進化の段階からすでに確立されていた。ここから我々は、長期的な進化速度から予測される種内の遺伝的多様性の偏差に基づいて、遺伝子にかかる種特異的な選択圧の変動を検出する新規の方法を開発した。この手法により本研究では結合組織ではなく上皮細胞の進化が、異種間の形態学的進化に主要な寄与をしていることを示した。またヒト特異的な進化に関しては、感染症に関わる免疫系の進化と選択的スイープが、適応進化の最も代表的な例であることを示した。

H - 5

Finding the cool in mutational hotspots: further analysis of chloroplast genome diversity in *Colocasia* species and populations

Olbrar Ahmed: National Museum of Ethnology, Osaka, Japan;
Alpha Genomics Private Limited, Islamabad, Pakistan.

Etsuko Tabuchi: National Museum of Ethnology, Osaka, Japan
Peter J. Matthews: National Museum of Ethnology, Osaka, Japan

Mutational hotspots in the intergenic regions of chloroplast genomes have been useful for investigating the phylogeography of taro (*Colocasia esculenta*) populations. For the purposes of phylogeny reconstruction among closely related taxa (species and populations), can “cool” regions -- with some, but not too much mutation -- be found within the mutational hotspots? A recent study by Shahar et al. (2019, *Nucleic Acids Research* 47:3344-3352) provided a first draft map of transcription units (operons) in the chloroplast genome of taro. Many intergenic regions and mutational hotspots lie within transcription units (operons) and many lie outside. We are now exploring whether or not there are differences in the phylogenetic information provided by transcribed and non-transcribed intergenic sequences.

1-1

水草ミズハコベの異質倍数性ゲノムとその進化

○古賀皓之、ドル有生、塚谷裕一（東京大学）

アワゴケ属 *Callitriche* は、シソ目オオバコ科の小型草本のグループである。本属内には水環境への適応の程度に多様性がみられ、陸生種、水生種、そして水中でも陸上でも成長ができる水陸両生種が含まれる。水陸両生種のミズハコベ *Callitriche palustris* は、陸上で育つ時と水中で育つ時とで著しく異なる形態の葉をつくる能力、異形葉性をもつ。我々はミズハコベを材料に、異形葉性の実現機構について研究を進めており、その情報基盤として本種のゲノム配列を解読した。その結果、ミズハコベは異質倍数性のゲノムを持ち、その由来は比較的離れた系統の種間、すなわち陸生を主とするグループの種と、水陸両生グループの種との交雑によることが示唆された。また発現解析の結果、倍数化によって生じたホメオログ間で水没時の発現応答に違いのあるペアが多数みつかった。そのため、ミズハコベにおける異型葉性などの特殊な水没応答には、性質の異なる2つのサブゲノムがそれぞれ異なる形で寄与している可能性が考えられる。

1-2

シン・前鋤骨説：哺乳類の一次口蓋骨要素は爬虫類のどこから来たか？

東山 大毅（東京大学・医）

我々羊膜類を含め、硬骨魚類では顎を構成する骨格が同様の形態パターンで制約されていると考えられてきた。しかし口蓋の要素の相同性には議論がある。例えば哺乳類の上あご先端の骨、切歯骨は、一般的には全体が爬虫類の前上顎骨に対応付けられてきたのだが、一次口蓋に突出する口蓋突起だけは異なる進化上の由来を持ち爬虫類、両生類の鋤骨（前鋤骨; prevomer）に相当するとされたこともあった。近年我々は胚の顔面原基の組合せ方が哺乳類の進化過程で制約を超えて変更され、祖先的に上あご先端の骨（前上顎骨）を作っていた原基が鼻に分化すると同時に、基部を作っていた原基（上顎突起）が切歯骨の主要部を含め上あごのほぼ全域を作ることを示した。もはや切歯骨＝前上顎骨の図式からして成立しないわけだが、では口蓋の要素はどう解釈できるだろうか？我々は *Dlx1-CreERT2* マウスを用いた細胞系譜追跡や、マウス胚とヤモリ胚の形態比較から、新たな“前鋤骨説”、つまり口蓋突起が爬虫類の鋤骨の前半分に相当する可能性を紹介する。また近年マウスの頭部発生をモデルに始めた空間トランスクリプトームを用いた研究について、その展望を議論したい。

1-3

サケ科の系統における高温センサーTRPV1の機能的制約の緩和と再強化

○齋藤 茂^{1,2,3}、齋藤くれあ^{1,2}、野澤昌文⁴、太田利男⁵、富永真琴^{1,2,3}

- 1 生理学研究所・細胞生理
- 2 生命創成探究センター・温度生物
- 3 総合研究大学院大学・生命科学
- 4 東京都立大学・理学研究科
- 5 鳥取大学・農学部

サケ科魚類は北半球の冷涼な地域に分布しているが、生息地において時に生存限界を超える高温に曝されることが知られている。そのような条件下では、高水温の場所を避け、水温の低い湧水や支流に移動する。そのため、高温回避応答およびその基盤となる温度受容はサケ科魚類において生存に重要な役割を担ってきたと言える。本研究では、脊椎動物に広く保存される高温センサー分子であるTRPV1チャネルの温度応答特性をサケ亜科の複数種間で比較した。その結果、サケ属に含まれるアマゴ、ニジマスはTRPV1は熱刺激で活性化され、その活性化温度閾値は約29℃であった。この温度はアマゴの臨界最高温度および温度上昇時にアマゴの遊泳行動量が増加し始める温度とほぼ一致していた。一方で、イワナ属に含まれる2種、およびタイセイヨウサケ属に含まれる1種ではTRPV1の活性化温度閾値は35～37℃であり、臨界最高温度より数度ほど高かった。これらのことから、サケ亜科の祖先ではTRPV1の機能的制約が緩んでいたのだが、サケ属が分岐した後に再び強まったことによりTRPV1の温度感受性が再調整され、逃避行動における役割が強化されたと推察される。

1-4

ショウジョウバエの婚姻贈呈をもたらす神経機構

田中良弥（名古屋大学理学部）

キイロショウジョウバエと同属である *Drosophila subobscura* (*D. subobscura*) のオスは交尾に至るまでに消化管の内容物を吐き戻し、メスに与える婚姻贈呈を示す。キイロショウジョウバエでは *fruitless (fru)* と呼ばれる遺伝子を発現する神経回路が求愛行動の生成に重要であることが知られているが、ショウジョウバエ種間でどのような仕組みで求愛行動が多様化するのかについては理解が進んでいない。そこで、私たちは *D. subobscura* の婚姻贈呈の進化的獲得をもたらす神経機構の理解を目指した。まず、ゲノム編集法を用いることで *D. subobscura* の *fru* を発現する神経回路の中から婚姻贈呈に関わる神経細胞を探索した。その結果、脳内のペプチド作動性ニューロンが婚姻贈呈を制御することを発見した。さらに、このニューロンの投射先を調べることで、下流神経回路を明らかにした。今後、明らかにした *D. subobscura* の神経回路をキイロショウジョウバエと種間比較することで、求愛行動の多様化をもたらす神経機構の詳しい理解につながるであろう。

I - 5

アカショウジョウバエにおける低温適応進化の実験進化学的解析

近藤朋希¹、小川佳孝^{1,2}、田村珠雲¹、井手翼¹、○田村浩一郎^{1,2}

¹東京都立大学理学研究科生命科学専攻

²東京都立大学生命情報研究センター

アカショウジョウバエは1980年代に熱帯東南アジアから東アジアの温帯に分布を急激に広げ、現在では西日本にも広く生息する。これまでの研究から、本種の低温耐性が向上することによって温帯の冷涼性に適応したこと、低温耐性の向上には低温順化が重要であることが分かっている。そこで、低温耐性向上の遺伝基盤を明らかにするため、日本集団の起源と推定される台湾の集団を元に5実験集団を構築し、低温順化した状況で低温による人為選択を60世代に渡って続けたところ、全ての集団で低温耐性が大きく向上した。その中の1人為選択集団から61世代目に確立した複数の単一雌系統について低温耐性を調べたところ、人為選択は低温順化に関連する要因と関連しない要因の両方に作用したことが分かった。また、これらの実験集団および台湾と日本の自然集団についてpool-seqによって集団のゲノム配列を決定し、ゲノム規模でSNP頻度の経時的変化を調べた。その結果、5実験集団で共通したSNP頻度の経時的変化が検出され、主成分分析によってそれらは第2主成分として台湾集団と日本集団の間の差異の15%を説明することが分かった。

J - 1

現生人類に浸透した旧人ゲノム検出の簡便法

颯田 葉子（総合研究大学院大学先導科学研究科）

交雑に伴い現生人類に浸透した旧人ゲノムの検出には、隠れマルコフ過程を利用したさまざまな方法が開発されてきたが、我々は新たに簡便な検出法を開発した。この方法の特徴は1) referenceもtestゲノムも個人(diploid)のゲノムを用いることができること、従って2) どちらのゲノムもunphasedで良いことで、ある。ただし、どちらのゲノムでもancestralとderivedタイプの塩基の区別ができていることが前提にあり、またあらかじめ指定したwindowでのサーチを必要とする。本講演では、この簡便法を紹介するとともに、その応用としてOnge個体で検出したDenisovanセグメントを紹介し、後期更新世における現生人類・東アジア集団の拡散過程に新たな知見を得ることを試みる。

J - 2

Impacts of environments on Asian human population history

Hie Lim KIM (Nanyang Technological University)

Human dispersal across entire Eurasia and further to the

southernmost tip of America must have been challenging due to the variety of environments, including, climates and pathogens, along the way. The GenomeAsia 100K project has generated large-scale whole-genome sequencing datasets of diverse populations of Asian descendants, and we are allowed to study the history of migration and adaptation of the populations. For example, we compared the selection constraint between malaria endemic and non-endemic populations and identified genes under positive selection only in the endemic populations. We also compared the populations living in between the Arctic and other regions and detected several genes related to cold adaptation such as energy production and lipid metabolisms. We also will show an example of the impacts of sea-level changes on the population history in Southeast Asia. The rapid sea-level rise of 120m during the Last Glacial Maximum might promote the migration of the population living in Sundaland toward to continent and we found evidence of Southeast Asian ancestry in South Asia, as a result of admixture, co-occurring with the rapid pulse of sea-level rise.

J - 3

2次元遺伝的アルゴリズムを用いた遺伝子間相互作用が進化に与える影響の検証

○明石基洋：成蹊大学、藤原一朗：大阪産業大学、古澤満：ちとせ研究所

ウイルスを含む全ての生命体は、多様な遺伝因子の相互作用により地球上で存在し続けている。遺伝子数は生物・ウイルスの種類により異なることから、生命体ごとに異なる多様な遺伝因子の相互作用が、生命体の進化と多様化に寄与したと考えられるが、遺伝因子の相互作用が進化速度、適応、分岐に与える影響は完全には解明されていない。我々はこの問題の解決に向けて、2次元遺伝的アルゴリズム（2DGAモデル、Fujihara & Furusawa, 2016）を用いて遺伝子間相互作用（遺伝子クラスタサイズ：遺伝子クラスタの大きさ・規模）が進化速度、適応、分岐に与える影響を検証した。2DGAモデルでは、娘鎖に均衡または不均衡に変異が導入されるゲノムを持つ生物の中に250の遺伝子がコードされており、それぞれの遺伝子は相互作用をする。本発表では、遺伝子クラスタサイズの増加が適応度の増加率を減少させること、不均衡変異条件で見られた遺伝型の変遷パターンの違い（進化モード、スタンモード、多様化モード）、2DGAモデルの方程式について述べる。

J - 4

フモトミズナラ(*Quercus mongolicoides*) のカタストロフィック種分化

広木 詔三 (名古屋大学情報学研究科)

フモトミズナラ (*Quercus mongolicoides* Hiroki, 2017) は、東海地方と北関東地方に分布するコナラ属の1種である。岐阜・愛知を含む周伊勢湾地域には、東海湖の湖底堆積物が隆起して形成された丘陵が広がる。この丘陵は、プレートテクトニクスに基づく濃尾傾動地塊運動によって形成されたものである。フモトミズナラは200-300万年前の丘陵形成時における地形変動と乾燥化の進行によって、モンゴリナラから分化したと推測しうる。フモトミズナラの根は斜行するが (Hiroki 2013)、このような性質を有するフモトミズナラは、環境の大きな変化の際に、個体群が分断され、発生的制約から解放された個体群として急速に誕生した可能性がある。このような環境の大きな変化によって急速に生じる種分化を、激变的種分化 (catastrophic speciation) と称したい。このような例は、オニグルミの例でも知られている (広木 2002)。

J - 5

トランスクリプトーム配列データによる節足動物の 高次分類群間の系統解析

○蘇 智慧 (1JT生命誌研究館)、佐々木綾子1 (1JT生命誌研究館)、南 紘彰1,2 (1JT生命誌研究館、2阪大・理)

節足動物は地球上最も多様な動物門である。そのため、多くの節足動物の系統が短期間に分岐しており、系統関係の解明は困難である。本研究では、多足類を中心に、節足動物の高次分類群間の系統関係における問題を解明するために、代表的な節足動物64種のトランスクリプトーム配列データ (うち28種は本研究で新たに配列を決定した) から得られた751~1233個のオーソログ遺伝子を含む10個のスーパーマトリックスに基づいて系統解析を行った。その結果、節足動物の高次分類群である鋏角類Chelicerata、大顎類Mandibulata、多足類Myriapoda、汎甲殻類Pancrustacea、六脚類Hexapodaの単系統が明確に支持された。汎甲殻類では、ムカデエビ綱が六脚類に最も近縁な系統であることが支持された。六脚類の中では、これまでに提唱されてきた系統関係を基本的に支持するが、準新翅類Paraneoptera (カメムシ目、アザミウマ目、チャテムシ目とシラミ目) は一部の解析で単系統として支持された。また、多足類の4綱の系統関係については、コムカデ綱Symphylaとエダヒゲムシ綱Pauropoda、ムカデ綱Chilopodaとヤスデ綱Diplopodaがそれぞれ姉妹群であることが強く示唆された。

K - 1

筋細胞の融合にかかわる内在性レトロウイルス 由来の新規遺伝子

○上田真保子1、小野悠介2、隅山健太3、三橋里美4、三橋弘明5、中川草6

1東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム機能多様性分野、2熊大・発生研、3理研・生命機能科学研究センター、4聖マリアンナ医科大学・脳神経内科、5東海大・工学部、6東海大・医学部

レトロトランスポゾン的一种、内在性レトロウイルス (ERV) が持つエンベロープ遺伝子 (enERV) 由来の配列には膜融合能を持つ配列が存在する。我々は、マウスゲノムにおいて多数のenERVが、機能可能なドメインのORFを持つことや、公共データを用いた予備的なRNA-seq解析の結果から、筋細胞が分化する際に重要な「細胞融合」に、enERV由来の新規遺伝子が関わっているのではないかと考えた。

そこでマウス筋細胞 (プライマリー) のRNA-Seqを実施し、分化・融合が最も盛んな時期に発現が上昇する、enERV 遺伝子の候補配列を複数同定した。さらにロングリードシーケンサーを用いたmRNAの全長配列の比較、ウェスタンブロットによるタンパクの確認を通し、一つのenERV配列に候補に絞り込んだ。また、siRNAノックダウンと強制発現実験等の機能解析から、本配列に融合能があることを確認している。一方、本遺伝子の進化的な背景を調べるために行った哺乳類ゲノムの配列比較からは、このenERVはマウスに特異的な配列であることがわかっていて、本学会では、本遺伝子配列の特徴や機能を報告するとともに、進化的な背景も議論したい。

K - 2

哺乳類Dlx5-6遺伝子クラスターの転写制御機構と進化

○隅山 健太 (国立研究開発法人理化学研究所 生命機能科学研究センター)、田邊彰 (国立研究開発法人理化学研究所 生命機能科学研究センター)

Dlx5、Dlx6遺伝子はペアでクラスターを形成し、数百kbに及ぶ長距離のエンハンサーを含む巨大な転写制御領域を持つ。Dlx5、Dlx6遺伝子ダブルノックアウトマウスは下顎が上顎化するというホメティック変異を示し、下顎のアイデンティティを決定する重要遺伝子であることが知られている。顎口類が上下顎構造を進化的に獲得した時期とほぼ同じ頃、Dlx5-6遺伝子クラスターは下顎特異的発生プログラムを制御するために必要なcis-elementを獲得したはずである。これまでにDlx5-6遺伝子クラスターには複数の下顎エンハンサーが同定されている。ゲノム編集によりin vivoでの遠位エンハンサーの機能解析を行い、顎発生における役割とその進化を解析し報告する。

K - 3

祖先アミノアシルtRNA合成酵素の復元

○横堀伸一、馬場 征、橋本ちひろ、松田直樹、遠藤有紀、佐藤陸、
笹本峻弘、古川龍太郎、山岸明彦
東京薬科大学生命科学部応用生命科学科

全ての現生生物の翻訳系は20種類のアミノ酸を用いており、全生物の最後の共通祖先Commonoteの翻訳系も同様であったと考えられる。しかし、Commonote以前の初期翻訳系では、より少ないアミノ酸を用いたより単純な遺伝暗号を使用していたと考えられる。我々はCommonote以前の翻訳系におけるアミノ酸レパートリーや遺伝暗号の進化過程を明らかにするためにアミノアシルtRNA合成酵素(ARS)に着目した。ARSは各々別の共通祖先を持つ2つのクラス (IとII) に分類され、そこから現在の20種類のアミノ酸に対応するARSが分岐したと考えられる。我々は、サブクラスIaに分類されるIleRS (以下各ARSをアミノ酸3文字記号+RSで表記)、ValRS、LeuRS、並びにサブクラスIIaに分類されるProRS、SerRS、ThrRSの複合系統樹を各々作製し、それに基づいてIleRS、ValRS、Ile/ValRS、ProRS、SerRS、Pro/SerRSの各共通祖先を復元した。これらの活性や基質特異性の検討に基づき、サブクラスIa並びにIIa ARSの基質特異性の進化について議論する。

K - 4

長鎖シーケンス技術を用いたヒトゲノム解析

藤本明洋
東京大学医学系研究科人類遺伝学教室

次世代シーケンサー (NGS) は、ゲノム解析の極めて強力なツールであるが、短いリード長のため、解析困難な遺伝的多様性や変異が存在すると考えられる。NGSでは検出不可能な構造異常の検出を目的として、我々は、長鎖シーケンスのデータから構造異常を検出する手法を開発した。また、Oxford Nanopore シーケンサーを用いて日本人11人の全ゲノムシーケンスを行った。構造異常を検出したところ、8,004挿入、6,389欠失、27逆位、32重複が複数の個体から検出された。挿入の多くはトランスポゾンの挿入であった。また、プロセス型偽遺伝子の挿入も検出された。欠失の起源を推定するため、切断点の相同性と挿入を解析したところ、NHEJ、alt-EJ、NAHR、FoSTeS/MMBIRにより、欠失が生成されていると考えられた。これらのうち、NAHRによる欠失は、次世代シーケンサーの解析では検出されていなかった。以上より、長鎖シーケンス技術は、挿入全長や繰り返し配列を介した欠失の検出に有用であると考えられ、ヒトの遺伝的多様性の理解に大きく貢献すると考えられる。

K - 5

現代日本列島人の地域的遺伝多様性

河合洋介
国立国際医療研究センター日本列島の人々 (ヤポネシア人) の遺伝的多様性の起源は縄文人と弥生人の影響でその大部分が説明で

きることがゲノム研究で明らかになっている。近年の研究によりヤポネシア人には琉球諸島と本土の間の大きな遺伝的分化に加えて、地域的な遺伝的な構造化が見られることが報告されている。この地域的多様性の起源を明らかにするために都道府県の情報がついたゲノム情報を利用してヤポネシア人の地域的な遺伝的多様性を調べた。主成分分析の結果からは近畿地方を中心に本州・九州・四国へと広がる遺伝的勾配が見られた。この結果に基づき過去の日本列島への人々の移住のイベントを考察する。

K - 6

縄文時代の鯨骨DNAに探る先史時代の鯨類の遺伝的多様性

岸田 拓士
ふじのくに地球環境史ミュージアム

東京湾周辺は、世界最古の先史時代捕鯨サイトの一つであり、遅くとも縄文時代早期から海棲哺乳類の捕獲が行われていた。本研究では、横浜市金沢区に位置する称名寺貝塚 (縄文時代中期～晩期) から出土した鯨類の歯や骨からDNAを抽出してミトコンドリアD-loop領域を解読することで、出土した鯨類の種を判別し、現在の個体群との比較を行った。カマイルカのDNAが最も多く解読され、次いでミナミハンドウイルカとハンドウイルカのDNAが得られた。いずれの種も、現在も東京湾周辺に生息する個体群が持つハプロタイプと同じハプロタイプが得られており、加えて現在では東京湾周辺では見つからないハプロタイプも得られた。これらの結果は、当時の東京湾の鯨類の遺伝的多様性は現在のそれよりも高かったこと、そしてこれら小型鯨類の母系集団は過去数千年間に渡って生息地が固定されていることを示唆している。

ミヤコグサ根微生物群集に関連する植物遺伝子座の探索

○番場 大1, Turgut Y. Akyol2, Johan Quilbe2, Stig U Andersen2, 佐藤 修正1
1 東北大・院・生命, 2 オーフス大・分子遺伝生物

植物-土壌微生物群集相互作用は生態系内に普遍的に存在するものの、相互作用を司る遺伝基盤や制御機構は殆ど明らかになっていない。微生物群集との相互作用を規定する要因として植物の遺伝的分化があげられ、近縁種間や種内で異なる相互作用が報告されている。一方で、相互作用への遺伝的分化の効果は、成育環境や会遇する微生物群集の違いの効果と比較して小さいことも知られている。そのため、植物間のどのような遺伝的分化が相互作用に影響を与えているのかは未だ不明瞭のままである。

本研究では、土壌微生物群集との相互作用に寄与する遺伝子座を特定するために、ミヤコグサと近縁種 *Lotus burttii* との間に作出された RILs 系統群を用いて、微生物群集の接種、根微生物群集の検出、および相互作用微生物に対する QTL 解析を行った。その結果、植物遺伝的分化に関連する 35 ASVs が検出され、その多くが 2 番染色体の分化に関連していることが示された。加えて関連が検出された ASVs においても、たとえ同じ分類群と識別されたとしても共起しない ASVs が確認された。これらのことは少数の遺伝子座の分化が多数の微生物との相互作用に寄与し、その分化の効果は ASV レベルで異なっていることを示唆している。

ヤスデ類で見られるミュー型擬態環への参加、離脱、移行

○田辺 力（熊本大学大学院先端科学研究部）・本間 淳（琉球大学農学部）・曾田貞滋（京都大学大学院理学研究科）・持田浩治（長崎総合科学大学総合情報学部）・Paul E. Marek（Virginia Tech）

警告色を持つ複数の種が類似した体色を示すミュー型擬態環は、自然選択による進化の顕著な例として知られるが、その進化機構について解明された例は少ない。今回、日本産ヤスデ類について、RAD-seq 系統樹を用いた体色の祖先状態復元を行った結果、擬態環への参加、離脱、別の擬態環への移行といった稀な進化パターンが推測された。すなわち、（1）アマビコヤスデ属が、南西諸島から本土に分布を広げるに伴い、種分化を経て祖先状態の共有により灰色擬態環を形成した。（2）ババヤスデ属のミドリババヤスデ種複合体が、本土にてアマビコヤスデ属の灰色擬態環と分布が重なることで、独立に 4 回、祖先状態であるオレンジから灰色擬態環に参加した。（3）ミドリババヤスデ種複合体において、独立に 2 回、灰色擬態環からの離脱と他のオレンジ擬態環の移行が生じた。この離脱と移行を導く選択圧として、灰色のヤスデ類に偏ったハエ類の捕食寄生が考えられた。ミドリババヤスデ種複合体で見られる、このようなめまぐるしい体色変化は、本種複合体の共通祖先にて、体色の多様化を促す何らかの発生プログラムの変化が生じたことで可能になったのかもしれない。

サクラエビおよびタカアシガニのゲノム解析

齋藤禎一1、後藤康丞1、倉石祐2、木南竜平2,3、野田浩之2,3、岡本一利1,2、島貫郁1、峯田克彦5、五條堀孝1,6
1. 一般財団法人マリンオープンイノベーション機構、2. 静岡県水産・海洋技術研究所、3. 近畿大学水産研究所、4. 静岡県漁業高等学園、5. 早稲田大学、6. King Abdullah University of Science and Technology

サクラエビ (*Lucensosergia lucens*) は、小型の深海性甲殻類であり水深 200-300m に生息する。サクラエビは日周鉛直移動を行い、夜間は表層近くまで浮上しプランクトン類などを捕食するため、その習性を利用してサクラエビ漁は行われる。この漁は駿河湾のみで行われており静岡県を代表する水産物であったが、近年は深刻な不良が続いている。一方、タカアシガニ (*Macrocheira kaempferi*) もまた深海性甲殻類であり、世界最大の節足動物として知られる。タカアシガニは水深 800m 程度までの深海砂泥に生息しており、静岡県の伊豆地方で水揚げされている。本研究では、進化遺伝学的観点から環境適応のあり方を調べることを目的として、これまで未解明であったサクラエビおよびタカアシガニの全ゲノムを解読した。シーケンシングプラットフォームには PacBio Sequel P6C4 を利用した。ゲノムサイズは両種ともに 1G 程度でありこれまで報告されていた甲殻類よりかなり小さいものであった。遺伝子予測を行った結果、サクラエビからは約 42,000、タカアシガニからは約 36,000 の遺伝子の存在が推測された。また、得られた遺伝子情報のうち、その一例としてロドプシン遺伝子の系統解析を実施し、深海性の両種におけるロドプシン遺伝子の進化について考察を行なった。

静岡県産イワシ 3 種の全ゲノム解析と集団解析による地域特性の解明

○後藤康丞1、倉石祐2、木南竜平2,3、野田浩之2,4、岡本一利1,2、島貫郁1、峯田克彦5、五條堀孝1,6、齋藤禎一1
1. 一般財団法人マリンオープンイノベーション機構、2. 静岡県水産・海洋技術研究所、3. 近畿大学水産研究所、4. 静岡県漁業高等学園、5. 早稲田大学、6. King Abdullah University of Science and Technology

静岡県の主要な水産物であるイワシ(シラス)3種マイワシ、ウルメイワシ、カタクチイワシの集団動向は、その海洋環境に適応した帰結として捉えることができ、その進化遺伝学的な理解は、イワシ資源の管理や保護の観点からも重要である。これらイワシ 3 種の海洋環境の適応に基づく集団動向の分子機構の理解を目指すことを目的として、それぞれの全ゲノムを解読した。その結果、それぞれのゲノムサイズは 1.04 Gbp, 1.01 Gbp, 1.23 Gbp であり、Actinopterygii データセットに対する BUSCO スコア (Complete) は 92.9%, 90.6%, 74.9% であった。それぞれのゲノム上には 46,669 個, 45,788 個, 57,503 個のタンパク質をコードする遺伝子が予測された。特にカタクチイワシについては、NCBI の RAD-Seq データ (PRJNA602387) を本研究で解読したゲノムにマッピングし、SNPs を同定して集団解析を行なったところ、先行研究と同様に中国、台湾から日本にかけてのカタクチイワシ集団のゲノム構造は地域による差がないことが示唆された。今後、駿河湾のイワシ 3 種の詳細な集団解析を行い、イワシ集団の挙動を環境適応の観点から明らかにすることを目指す。そのことは、イワシ資源の保護や管理にも役立つと考えている。

ナミアゲハにおける嗅覚受容体遺伝子の多様性およびその進化

○大田 竜也¹、山上 初音²、志賀 向子²、木下 充代¹
¹ 総合研究大学院大学・先導科学研究科、² 大阪大学・理学研究科

視覚や嗅覚などの感覚は昆虫の行動を左右する。ナミアゲハは雌雄ともに生まれつき青色を好むが、吉田ら（2015年）は特定の匂いにより性特異的に色の好みが変わることを示した。本研究では、その分子生物学的基盤を解明する第一歩として、ゲノム解析・トランスクリプトーム解析を行いアゲハチョウ属の嗅覚受容体（OR）の多様性とその進化を調べた。ゲノム解析では、ナミアゲハに57、また同じアゲハチョウ属のシロオビアゲハに62、キアゲハに57のOR遺伝子が少なくとも存在すること、キアゲハで検出されたOR遺伝子はすべて常染色体に座上することが明らかになった。チョウ目およびトビケラ目のOR遺伝子の系統解析では、これらの遺伝子が27のグループに分けられ、その多くがチョウ目の起源前に分化していることが示された。また、多くのグループでOR遺伝子の数が増えていることが示された。本発表ではトランスクリプトーム解析の結果も踏まえ、これらの生物学的な意義を考察する。

哺乳類の複雑な臼歯形態を作る要因は何か：古典的学説の再検討

○浅原正和、原野智広
 愛知学院大学教養部生物学教室

哺乳類の複雑な臼歯形態はその繁栄を支えた重要な特徴である。その臼歯形態を生み出す要因は古くから論じられてきた。一世紀前に比較形態学から生み出された「場の理論」は歯列中において前方ほど単純な歯が、後方ほど複雑な歯が生える現象の要因を顎骨中に存在する「場」に求めた。「場」は現代的には顎の内部のモルフogen濃度勾配と翻訳できる。本研究ではこの理論について、比較形態学と、現代の系統情報に基づく系統種間比較によって再検討する。現生の哺乳類において臼歯形態が一種の“先祖返り”を起こした分類群がある。単純化した歯を持つ食肉目鰐脚類（アザラシ等）や鯨類である。「場の理論」に基づけば、歯の生える位置の前方化が歯の単純化を引き起こすとの仮説が立てられる。本研究では、これらの分類群を含む食肉目と鯨偶蹄目各種において歯の形態を定性的に評価し、系統の影響を補正して顎骨の要素に対する相対的な歯の萌出位置とその形態との相関関係を分析した。結果、臼歯形態の単純化に歯の前方化の影響が示唆された。本発表では合わせて哺乳類以前の単弓類を用いた解析結果も報告しつつ、分子進化の解析を含めた周辺の研究プロジェクトも紹介したい。

静岡県産キンメダイのゲノム決定と応用に向けた解析

○倉石祐¹、木南竜平²、野田浩之³、岡本一利⁴、後藤康丞⁵、島貫郁⁵、峯田克彦⁵、五條堀孝⁵、齋藤禎一⁵

¹ 静岡県水産・海洋技術研究所、² 静岡県水産・海洋技術研究所（現：近畿大学水産研究所）、³ 静岡県水産・海洋技術研究所（現：静岡県漁業高等学園）、⁴ 静岡県水産・海洋技術研究所（現：一般財団法人マリンオープンイノベーション機構）、⁵ 一般財団法人マリンオープンイノベーション機構

キンメダイ (*Beryx splendens*) は水深200-800 m付近に生息する深海魚で、静岡県の主要な水産資源であるが、現在その漁獲量の減少が問題となっている。このため種苗生産の研究など栽培漁業に向けて様々な取組が行われているが、親魚の成熟制御や飼育技術開発において様々な課題がある。そこで本研究ではキンメダイの全ゲノムを解読し、キンメダイの生理生態を理解するための基礎となる遺伝子情報を得ることを試みた。DNAは2個体から抽出しシーケンシングプラットフォームはPacBio RS2、PacBio Sequelおよび Illumina HiSeqXを利用した。得られたraw sequence dataは各々アセンブリを実施し、得られたアセンブリゲノムを統合解析してキンメダイのリファレンスゲノムを構築した。得られたリファレンスゲノムはゲノムサイズが約0.75Gb、推定遺伝子数は36,942であった。リファレンスゲノムのBusco score は97.3%(complete)であり、ゲノム配列のクオリティは非常に高いものと考えられた。推定遺伝子にはアノテーションを実施し、脂肪酸代謝経路などパスウェイ解析も行ったので、本発表でその成果を紹介する。

哺乳類における異物代謝に関わるグルクロン酸抱合酵素（UGT）遺伝子の進化と食性の関わり

○川合佑典¹、中山翔太^{2,3}、池中良徳²、久保田彰¹、石塚真由美²

¹ 帯広畜産大学大学 獣医学研究部門、² 北海道大学大学院獣医学研究院、³ ザンビア大学獣医学部

グルクロン酸抱合酵素（UGT）は、脊椎動物の異物代謝においてグルクロン酸抱合反応を行っていることが知られており、食性と異物代謝を行うUGT遺伝子の数に関係があることが報告されている。本研究では哺乳類の異物代謝に関わるUGTの進化を明らかにすることを目的にゲノム情報が公開されている哺乳類67種を対象に、UGT遺伝子の相同遺伝子探索および淘汰圧推定を行った。UGT遺伝子数と食性との関連を調べた結果、有胎盤類においてUGT2Bサブファミリー遺伝子が出現し、植物食性の動物で遺伝子数を増やし、肉食性の動物で遺伝子数を減らしていることが明らかとなった。UGT1Aサブファミリー遺伝子についても特定のサブグループで同様の傾向が見られた。さらに非同義置換、同義置換を利用した淘汰圧推定を行ったところ、植物食の哺乳類のUGT2ファミリー遺伝子において正の淘汰が検出された。これらゲノムデータベース解析の結果から植物由来化学物質の代謝には有胎盤類ではUGT2Bサブファミリーに属する遺伝子が大きく関わることが示唆された。

ロブスター心臓解析による心房非依存的哺乳類心臓進化解明

○花島章、木元弥咲、伊原魁、大平桃子、臼居優、橋本謙、毛利聡
川崎医科大学生理学1教室

心房による心室への血液充填システムは脊椎動物共通だが、哺乳類は心室自ら血液を吸い上げる機能を獲得したことで心房が不要になりつつある。本研究では、心房を持たないロブスター心臓を分子から生体レベルまで統合的に解析し、哺乳類との進化戦略の違いを考察した。心エコー下で殻を開けると心室虚脱が観察され、心室に付着した弾性組織が心室への血液流入に寄与していると推測された。哺乳類と違い、収縮期心室圧は10mmHg程度と低く、心筋組織は粗であり冠血管が無く、ミオシンフィラメントの密度が低かった。これらの臓器組織レベルの違いは、ロブスターは開放循環系で、大きな心室収縮力を要しないためだと考えられる。一方で哺乳類と同様に、心筋細胞はT管様構造を持ち、サルコメア長や伸展性規定分子コネクチンのバネ領域は短かった。これらの細胞分子レベルの共通性は、心房欠如や退化によって心室が受動的に拡張されないためだと考えられる。従って、哺乳類は高血圧に耐えうる閉鎖循環系に加え、心房退化に伴い心室拡張性が不要となったことで、心筋を緻密に配置した強い血液ポンプ心臓へと進化させ、現生動物の中で優位に立ったことが示唆された。

両生類特異的なTRPA1選択的スプライシングバリエーションの起源と機能的な進化過程

○齋藤 くれあ^{1,2}、富永真琴^{1,2,3}、齋藤 茂^{1,2,3}、
1生理研・細胞生理、2生命創成探究センター・温度生物学、3総研大・生理科学

TRPA1は高温および化学物質で活性化される侵害受容センサーとして機能するチャネルである。我々は無尾両生類のTRPA1から新規の選択的スプライシングバリエーションTRPA1(V+)を発見した。TRPA1(V+)には既知のバリエーションに比べ1つのバリン残基が挿入されるだけである。これまでアカガエル上科、アマガエル上科の複数種でTRPA1(V+)が高頻度で発現すること、TRPA1(V+)の温度および化学物質の感受性が既知のバリエーションと比べて大きく異なることを発見した。そこで、TRPA1(V+)の進化的起源および機能の変遷を調べるため、無尾両生類において初期に分岐したツメガエルおよび有尾両生類のアホロートルを調査した。ツメガエルではTRPA1(V+)は低頻度ながら発現していたが、TRPA1(V+)は温度および化学物質に対する活性がTRPA1(V-)に比べて著しく低かった。一方、アホロートルではTRPA1(V+)は検出されなかった。これらの結果から、TRPA1(V+)が両生類の祖先状態では発現量もチャネル活性も低かったが、その後発現量が上昇しTRPA1の機能の多様化が生じたことが明らかとなった。

ササコナフキツノアブラムシ *Ceratovacuna japonica* を用いた真社会性及び複合共生系の進化研究

○重信秀治^{1,2}、頼本隼汰^{1,2}、Chen-yo Chung^{1,3}、服部充⁴、近藤真紀¹
1) 基礎生物学研究所、2) 総合研究大学院大学
3) 台湾大学、4) 長崎大学

真社会性は昆虫の系統で繰り返し進化しており、アブラムシの中にも真社会性を進化させた系統が知られている。私たちは、新たな社会性昆虫のモデルとしてササコナフキツノアブラムシ (*Ceratovacuna japonica*) に注目し、実験室継代系を確立した。兵隊カーストにおける不妊制御について調べた。兵隊カーストは完全に不妊であるにも関わらず一対の卵巣を有していた。ただ、そのサイズは生殖カーストに比べると退縮し、胎生胚は十分に発達しない。また、栄養細胞のアポトーシスと卵母細胞・胚のネクローシスを伴っていた。つまり、maternal / zygotic の二段構えで不妊性が制御されていると示唆される。

ササコナフキツノアブラムシは他のアブラムシと同様に絶対共生細菌 *Buchnera* を細胞内に持っているが、加えて、*Arsenophonus* 属の細菌 (分子系統解析から新種と考えられる) を有する「複合絶対共生系」であることを発見した。2つの共生細菌は同じ共生器官内に区画化されて棲息し、ゲノムはともに極端に縮小し、両者の遺伝子組成には代謝的相補性が見られた。またカースト間で、共生細菌の構成と共生器官の形態の違いが見出された。複合共生系と社会性の進化を研究する良いモデルである。

Colocasia esculenta (taro) is polyphyletic: implications for evolution and taxonomy

○P. J. Matthews¹, M. A. Hossain², D. Sookchaloem³, V. D. Nguyen⁴, S.-Y. Wong⁵, J. Jyloerica⁵, E. Tabuchi¹ and I. Ahmed^{1,6}
¹National Museum of Ethnology, Japan. ²Bangladesh Agricultural University, Bangladesh. ³Kasetsart University, Thailand. ⁴National Institute of Ecology & Biological Resources & Graduate University of Science and Technology, Vietnam. ⁵Universiti Malaysia Sarawak, Malaysia. ⁶Alpha Genomics Ltd, Pakistan.

Complete chloroplast genome sequences were obtained for 19 samples (17 new) from six species of *Colocasia* (Araceae). The analysis shows that *C. esculenta* is polyphyletic with respect to the chloroplast genome.

Two lineages of *C. esculenta* (Clades I and II) form a monophyletic group that includes cultivated taros commonly known as var. *esculenta* (dasheen) and var. *antiquorum* (eddoe), and a wide-spread, commensal wild form known as var. *aquatilis*. A wild Clade III lineage of *C. esculenta*, also known as var. *aquatilis*, belongs to a well-defined Clade III species group that includes *C. lihengiae*, *C. formosana* and *C. spongifolia*.

We offer alternative explanations for *C. esculenta* as a polyphyletic taxon, and consider some initial implications for the evolution and taxonomy of taro, and for plant breeding.

P - 13

平板動物のGPCRの解析によるオプシンの起源の探求

高橋 直樹¹、寺北 明久^{1,2,3}、○小柳光正^{1,2,3}

1)大阪市立大学 大学院理学研究科

2)大阪公立大学 大学院理学研究科

3)大阪公立大学 OCARINA

オプシンは、7回膜貫通構造をもつ多様なGタンパク質共役型受容体（GPCR）の一種で、発色団であるレチナールを結合することによって光受容タンパク質を形成し、視覚に代表される動物の光受容の中心的な役割を担う。したがって、オプシンの出現は、動物の光受容システムの進化の重要なステップといえる。これまでに私たちは、眼を持つ最も原始的な動物である刺胞動物（アンドクラゲ）からオプシンを単離し、オプシンの起源が刺胞動物と左右相称動物の分岐以前にさかのぼることを明らかにした。一方で、より古くに分岐した、平板動物や海綿動物にはオプシン遺伝子が見つからないことから、オプシンおよび光受容システムの起源に関する研究はその後進んでいない。最近私たちは、オプシンの起源に関する知見を得る目的で、オプシンを持たない平板動物・センモウヒラムシのゲノム中に存在する“オプシン様GPCR”に注目し、変異体解析を含む分子特性の解析を行っている。本発表では、その結果にもとづいてオプシンの起源について考察する。

P - 15

マイクロサテライトを用いた野生ヒラメの血縁推定における尤度比のパーミュテーション検定

○大林武（東北大学大学院情報科学研究科）、安藤大樹、池田実（東北大学大学院農学研究科）

ある個体ペアのDNAプロファイルが特定の血縁関係を支持するかどうかは、尤度比を用いて評価できる。一方、野生個体集団における血縁関係は一般に疎であるため、血縁推定の偽陽性率が小さくても、陽性適中率が著しく低下する問題がある。本研究では、マイクロサテライトDNAプロファイリングを用いた野生ヒラメの血縁推定において、偽陽性数、擬陰性数を適切にコントロールする方法を検討する。特に、血縁の有無の事前オッズを決めることができない場合でも、DNAプロファイルのパーミュテーションと組み合わせることで、尤度比の解釈が容易になることを示す。

P - 14

集団遺伝学のモデル菌類としてのスエヒロタケのゲノム解析

○松前ひろみ¹、坂本美佳²、小木曾映里³、須藤恵美⁴、クリュコフ・キリル²、望月孝子²、谷澤靖洋²、今西規^{1,4}、豊田敦⁵、中村保一²、亀井克彦⁶、細矢剛⁷

1. 東海大学医学部分子生命科学, 2. 国立遺伝学研究所情報研究系, 3. 国立科学博物館分子生物多様性研究資料センター、4. 東海大学大学院医学研究科, 5. 国立遺伝学研究所ゲノム・進化系、6. 千葉大学真菌医学研究センター感染症制御分野、7. 国立科学博物館植物研究部

菌類の種数は陸上植物の6倍以上と推定されるが、ゲノム科学や進化生物学では単細胞の酵母の研究が主流で、菌類の多様性を網羅しているとは言い難い。例えば担子菌門ハラタケ目に属するスエヒロタケは世界中に分布し集団遺伝学的に興味深い特徴をもつ。本種のゲノムは38.5Mbと真核生物では小さいが、欧米集団は既知の生物種で最も高い遺伝的多様性をもつ（1遺伝子あたり平均で14.8カ所の変異）と報告されている。こうした特徴からスエヒロタケは菌類および集団遺伝学のモデル生物として適すると考えられる。そこで本研究では日本のスエヒロタケの高精度な全ゲノム配列を決定し、さらにその遺伝的多様性を明らかにすることにより、集団遺伝学のモデル生物としての地位を確立することをめざしている。今回は交配を確認した日本の2株（FC8125, FC6170）に対し、ロングリードNGS（MinION、PacBio/Iso-Seq）を用いて全ゲノムと転写産物の解析を行った。その結果、株間で90%程度しか塩基配列の類似性が見られず、日本のスエヒロタケも欧米集団と同様に、高い遺伝的多様性を保持している可能性が示唆されたので報告する。

P - 16

遺伝的多様性とエピジェネティック多様性の相互補償性の検証

勝村 啓史

北里大学医学部解剖学

遺伝的多様性の低下は、種やその集団を存続の危機にさらし、絶滅の恐れを増大させる。しかし自然環境下では、低い遺伝的多様性を示す集団でも環境変化に耐え、安定的に次世代を残すケースが少なからず観察される。このことから、低い遺伝的多様性を示す集団が多様なエピジェネティックな変化を有することによって、新しい環境に適応できる表現型多様性を維持するという仮説が立てられる。しかしながらこれまでに、遺伝的多様性が低い集団が高いエピジェネティック多様性を示すことを実証した研究は殆どない。そこで本研究では、自然集団における遺伝的多様性の程度とエピジェネティックな多様性の程度を、ゲノム網羅的取得するDNA配列とDNAメチル化の変動領域から求め、それら多様性が相互に関連し合うのか、それとも独立なのかを検証することを目的とした。これまでに、香川県の野生メダカ6集団1145個体を対象に約45万SNPsを取得し、それらのうち96個体からゲノム網羅的に変動するDNAメチル化領域を検出した。現在、集団内遺伝的多様性の程度とDNAメチル化の季節変動の程度の比較を進めており、本発表ではこれら解析の途中経過を報告したい。

P - 17

タツノオトシゴの系統で見つかったトランスポゾン由来と予想される新奇遺伝子

○川口眞理1・川原玲香2・富田憲司3・河野友宏2・金子豊二3・安増茂樹1

1上智大・理工・物質生命、2東農大・生物資源ゲノム、3東大・農

タツノオトシゴを含むヨウジウオ科魚種は他の魚類には見られない育児嚢をもつ。この育児嚢で発現する遺伝子の1つとして、新奇な遺伝子が見つかり、proline-glycine rich (pgr)遺伝子と名付けた。6種のヨウジウオ科魚類（タツノオトシゴ属2種・ヨウジウオ属1種・イシヨウジ属1種・トゲヨウジ属1種・ヒバシヨウジ属1種）を含む合計15魚種のゲノム配列データを用いて、相同遺伝子の探査を行った。その結果、pgr遺伝子の周辺遺伝子のシンテニーは種間で良く保存されていたが、pgr遺伝子はタツノオトシゴ属2種とヨウジウオ属からのみで見つかり、他のヨウジウオ科魚種を含む12種からはpgr遺伝子は見つからなかった。pgr遺伝子周辺の配列を調べてみると、タツノオトシゴ属2種とヨウジウオ属1種の間で共通のトランスポゾンやレトロエレメントがpgr遺伝子近傍で多数見つかった。また、pgrタンパク質の配列はエラスチン遺伝子のアミノ酸配列をコードする鎖の相補鎖をアミノ酸配列に翻訳した配列と似ていることがわかった。これらの結果から、pgrはエラスチン遺伝子の一部からトランスポゾンもしくはレトロポゾンによりタツノオトシゴとヨウジウオの共通祖先で新たに生じた新奇遺伝子と考えられる。

P - 18

非協力者と関係を打ち切る行動は協力者と非協力者のどちらにとってより有益だろうか

黒川瞬

北陸先端科学技術大学院大学

協力行動を自らの適応度を下げて相手の適応度を上げる行動と定義する。協力は、自らの適応度を下げる行動であるため、その存在は説明を要する。協力は相手の適応度を上げる行動であるから、協力者とは関係を続け、非協力者とは関係を打ち切る行動は適応的である。ここで、次の問いが立ち上がる。非協力者と関係を打ち切る行動は、協力者にとっても非協力者にとっても有益であるが、どちらにとって、より有益であるか？相手が非協力者であれば関係を打ち切る協力者（非協力者）、相手が誰であれ関係を打ち切らない協力者（非協力者）の計4戦略が集団内に存在する場合を考え、進化ゲーム理論を用いて、2人4人のジレンマゲームの解析を行い、この問いに取り組む。なお、相手が非協力者である場合に関係を打ち切る戦略は、相手が協力したか否かを認識する必要があるため、そのコストを支払うと考える。その一方で、相手が誰であれ関係を打ち切らない戦略は、そうしたコストを支払う必要はないと考える。詳しい解析結果は本ポスター発表で説明するが、解析結果は、非協力者とは関係を打ち切る行動は、協力者にとっての方が非協力者にとってよりも、有益であることを意味する。

P - 19

アゲハチョウ属のメスに限られたベイツ型擬態を制御するスーパージーンの機能と進化

○古侯慎也1、依田真一2、梶谷嶺3、篠崎颯太1、藤原晴彦1

1東大、2基生研、3東工大

シロオビアゲハやナガサキアゲハではメスにのみ擬態型と非擬態型が知られている。2種ともに第25染色体上のdoublesex(dsx)遺伝子周辺の約150kbの領域で多型が制御されていることが、全ゲノム解析やdsx遺伝子の機能解析によってわかっている。本発表ではまず、シロオビアゲハにおいて、擬態原因領域とその周辺にあり、機能がわかっていないprospero, UXT, U3X, sir2のRNAiによる機能解析の結果を報告する。機能解析によって擬態はdsxのみならず複数の遺伝子によって制御されていることがわかり、dsxが多型の切り換えを行い、周辺遺伝子が擬態をより良いものにする修飾遺伝子であることが示唆された。さらに、アカネアゲハを加えた3種を用いて、これまでの研究や新たに行った連鎖不平衡や反復配列に関する解析からアゲハチョウ属のベイツ型擬態を制御するスーパージーンの進化プロセスについて議論する。

P - 20

シンビオディニウム属渦鞭毛藻類にみるイントロン獲得・増加のメカニズム

○矢崎 裕規、Jeffrey Fawcett

理化学研究所 数理創造プログラム

単細胞藻類であるシンビオディニウム属渦鞭毛藻類は核ゲノムに多数のイントロンを持つことが知られ、1遺伝子あたりに平均して20個程度と、ヒトの2倍以上挿入されている。また、このイントロンの増加はシンビオディニウム属に分岐後に生じたこととされ、最近発生した進化イベントと考えられている。この大量のイントロンの獲得・増加がどのようなメカニズムで生じたのか、また真にシンビオディニウム属の分岐後に生じたのかは分かっていない。本研究では9種類のシンビオディニウム属渦鞭毛藻類、近縁種Polarella glacialis、複数の真核生物を対象に、真核生物に保存的な150遺伝子に挿入されているイントロン配列を比較することで、シンビオディニウム属で生じたこととされるイントロン進化の解明を目指した。結果として150遺伝子でシンビオディニウム属特異的なイントロンは700個以上検出され、シンビオディニウム属に分岐後に爆発的にイントロンが増加したことが示された。また、これらの配列には5'末から10残基程度が保存的である傾向がみられた。本講演ではこれらの結果をもとにシンビオディニウム属渦鞭毛藻類のイントロン獲得・増加メカニズムを議論したい。

P - 21

海洋細菌の比較ゲノムから明らかにする相互排他的な遺伝子ペアが生じるメカニズム

○富永 賢人¹、西村 祐貴¹、大前 公保¹、岩崎 渉¹
¹)東京大学・大学院新領域創成科学研究科

原核生物の比較ゲノム解析では、複数の遺伝子の間での相互排他的な存在パターンがしばしば観察される。本発表では、海洋細菌の比較ゲノムより抽出した排他的な遺伝子ペアを例に、そのようなパターンの進化メカニズムを議論したい。Flavobacteriaceae科細菌からは、プロテオロドプシンとUV阻害色素合成系のペアや、金属トランスポーター同士のペアが抽出された。メタゲノムを利用して各ゲノムの海洋中での分布を調べると、排他ペアのどちらを有するかにより分布する深度や緯度が異なった。そのため、生息環境ごとにより適した遺伝子が選択され、排他的なペアが生じたと推測された。一方、Vibrio科細菌からは、細菌型とウイルス型の2つのDNAヘリケースローダーが排他的ペアとして抽出された。ウイルス型による置換は本科内で約20回も生じていた。この排他ペアは、宿主が自身の複製装置をウイルス型に置換することでウイルスからの複製阻害を回避するウイルス耐性の収斂進化により成立したと推測された。これらのことから相互排他的な遺伝子ペアの成立は、生息環境やウイルスなど、遺伝子ごとに異なる要因によって駆動されていると考えられた。

P - 22

ショウジョウバエの集団行動に関わるゲノム基盤の解明

○佐藤大気^{1, 2}、高橋佑磨²
¹藤田医科大学・医科研、²千葉大・院・理

多くの動物は個体の集合からなる群れを形成し、集団行動を示す。近年のゲノム解析の発展から、個体レベルの行動多様性の遺伝基盤が徐々に明らかとなっているが、集団行動のような創発的な形質の遺伝基盤の検証は進んでいない。個体の行動は他個体との相互作用を介して集団全体に影響を与えるため、行動の遺伝基盤には集団レベルの機能に関わるものも存在すると考えられる。そこで本研究では、キイロショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) の恐怖刺激下における行動に着目し、ゲノム配列が既知の近交系104系統を用いて、単独時および集団における行動形質（個体間距離や恐怖刺激に対する反応）を定量した。さらにゲノムワイド関連解析により、集団レベルの各形質に関わる遺伝的変異を検出した。また、異なる2系統の混成集団を用いた実験を行い、適応度の変化（系統間平均との差分）と各座位における集団内遺伝的多様性との関連解析を行った。その結果、いずれの形質においても神経細胞の伸長や視覚の発達に関わる遺伝子座が有意に検出され、これらの遺伝的変異が他個体への反応性や集団行動、そしてその進化に寄与している可能性が示唆された。

P - 23

アノールトカゲの遺伝子発現の温度順化の進化と転移因子によるHSEの拡大との関連

○金森駿介⁽¹⁾、河田雅圭⁽¹⁾
⁽¹⁾東北大学大学院生命科学研究所

様々な生物で温度に応答した遺伝子発現制御が確認されているが、特に温度順化時の遺伝子発現制御の仕組みや進化機構については未解明な点が多い。西インド諸島のアノールトカゲは、近縁種間で生息温度環境が分化しており、温度順化や適応機構の良い研究対象である。これまでに、森林の低温環境よりも開放部の高温環境に生息する種の方が温度順化による発現変動遺伝子が多いことが示されている。本研究では、アノールトカゲの温度順化時の遺伝子発現制御の進化機構と、ヒートショックプロモーター (HSE) 及び、それをゲノム中に拡散するポテンシャルを持つ転移因子との関連を調べた。その結果、まず、イントロンのHSEの存在と遺伝子発現の温度応答性との関連が明らかとなった。また、他の分類群でもストレス応答性が確認されている転移因子の発現が高温順化によって増加することを見出した。さらに、その転移因子のイントロンの存在と、遺伝子の高温順化による発現増加との関連が、高温環境の種でのみ確認された。それらイントロンでの転移因子の挿入とHSEの獲得、アノールトカゲの温度応答性遺伝子発現制御機構の進化との関連を議論したい。

P - 24

進化学と障害学に見られる対立と親和性

○西山久美子⁽¹⁾⁽²⁾、水島希⁽³⁾
⁽¹⁾総研大・統合進化科学研究センター、⁽²⁾東海大・医、⁽³⁾叡啓大・ソーシャルシステムデザイン

出生前診断やゲノム編集など、近年可能になった生命科学の技術には様々な倫理的課題が指摘されている。これらの遺伝学的技術の応用は、障害による困難を医学的に解決しようとする「医療モデル」が基盤になっていると考えられる。一方、障害学は、この医療モデルを批判し、社会が変わることで障害は解決すると考える「社会モデル」や、健常者との差異を尊重する「障害の文化」を提唱してきた。こうした倫理的課題に加え、かつてダーウィンの進化論が優生学により誤って使用され、障害者は根絶されるべき対象とされた歴史から、障害学と、遺伝学的技術やそれらに関わる進化学には衝突があると思われる。だが実は、進化学の基礎研究領域で共有されている価値観は、むしろ障害学と親和性を持っているように見える。例えば、集団における有利な変異・不利な変異は普遍的ではなく環境によって変わるという理解や、多様性への強い志向も共通する。本発表では具体例を挙げながら、その親和性を考察する。両分野の親和性を知ることは、人間社会に関わる進化学的研究に対して倫理的側面から慎重になる方向とは逆に、新たな視座で研究を広げる可能性を持つと考えられる。

P - 25

巻貝の貝殻プロテオミクス：右巻・左巻比較解析

○石川彰人1、清水啓介2、浅見崇比呂3、遠藤一佳1

1東京大学大学院理学系研究科、2東京大学大学院・農学系研究科、3信州大学・理学部

現生の巻貝は約6000種が確認されており、そのうち実に80%近くの種が右巻であることが報告されている（Robertson, 1993）が、そこに進化的意義があったかについてはいまだ謎に包まれている。マレーマイマイやヨーロッパモノアラガイ（*Lymnaea stagnalis*）など一部の巻貝は同一種内に右巻と左巻が存在し、互いに鏡像対称の関係にあるが、その貝殻形態は完全な鏡像異性ではないことが報告されている（Nakadera et al., 2010）。本研究では実験室で継代可能かつ、右巻・左巻それぞれの純系が確立されている*L. stagnalis*を用い、右巻と左巻の巻貝に貝殻形成レベルでの違いがあるか解明するべく、貝殻に取り込まれている貝殻基質タンパク質（SMP）に注目し解析を行った。右巻・左巻それぞれの身体を覆っている貝殻形成組織の外套膜を体軸で前後・左右に分割し、それぞれからトランスクリプトームを得た。SMPの発現量を比較すると、やはり右巻と左巻で単純な鏡像対称の発現パターンにはならないことが明らかとなった。巻き方向の決定は母性効果因子で決まる（Davison et al., 2016）が、母性効果が効かない後期発生段階で形態形成制御を行っている可能性が示唆され、進化の過程で右巻が優勢となった謎を解き明かす手掛かりになるかもしれない。

P - 27

タリーモンスターは脊椎動物ではない

○三上 智之：国立科学博物館地質研究部、池田 貴史：東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、村宮 悠介：深田地質研究所、平沢 達矢：東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻、岩崎 渉：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

タリーモンスター（*Tullimonstrum gregarium*）は米国フランスクリーク頁岩層（石炭系）から産出する化石種で、長く伸びた眼柄や、歯のような構造を備えた鋏状の器官がついた吻など、奇妙な形態的特徴を持つ。その系統的位置は未解明で、軟体動物、環形動物、紐形動物、オパビニア等との類縁性が議論されてきた。さらに近年、この動物が基盤的な脊椎動物だとする研究が複数のグループから出され、論争を呼んでいる。そこで本研究では、解剖学的特徴の解明のため網羅的なデータを得るべく、タリーモンスタースの化石143点と、フランスクリーク頁岩層から産出した多様な動物化石について、3Dレーザースキャナーで化石の表面形状を計測した。さらに、X線μCTを用いてタリーモンスタースの歯の形状を測定した。化石表面の微細構造の比較解析を行うことで、それぞれの構造の保存状態から解剖学的特徴を読み解いた結果、筋節・脳・鰓孔・鰭条など、脊椎動物である根拠とされた構造は脊椎動物のそれらとは異なっており、タリーモンスターは脊椎動物でないことが示された。一方で、他の動物門と比較すると、タリーモンスターは脊椎動物以外の脊索動物か、汎節足動物以外の旧口動物であることが示唆された。

P - 26

細菌の薬剤耐性空間上の進化軌跡を自動フィードバック制御する

○芝井厚（理研BDR）、古澤力（理研・東大）

細菌を用いると、その与えられた環境に応じた適応進化を実験室内において容易に観察できる。例えば大腸菌に対して、その増殖を止めはしないが阻害する程度の濃度の抗生物質を添加しながら培養を続けると、その薬剤に対する耐性を獲得するような表現型の適応進化を誘導することができる。ここで、そのようなストレス薬剤を同時に複数種（仮にN種）添加することを考えると、そのときの細胞集団の状態はそれぞれの薬剤への耐性強度に対応するN次元のストレス空間内の一点として表現できる。そのN種のストレス薬剤の強度を動的に調整しながら培養するような状況において、ストレス耐性空間内の細菌の進化経路の予測・制御が可能となると考えられる。本研究では、ラボオートメーション技術を用いて、大腸菌の表現型変化をストレス条件の設定に自動的にフィードバックする系を構築した。本発表では、クロラムフェニコール、カナマイシン、ノルフロキサシンの3種の抗生物質に対応する3次元ストレス耐性空間内において大腸菌の進化方向を制御した結果について報告する。

P - 28

ヘテロシスによるクローン表現型分散の減少

大窪 健児
総合研究大学院大学

育種においては、より高くより安定した収量を得ることが重要である。特に安定性の向上のためにクローンが用いられることもあるが、たとえクローンであったとしてもある程度の収量の揺らぎは生じてしまう。本研究では理論的にこのようなクローンにおける表現型分散を減少させる方法を探索する。まずは、複数の種を交雑させることで収量や適応度を増加させるヘテロシスに着目した。遺伝子制御ネットワークの理論モデルを用いたシミュレーション進化に加えて近親交配と交雑を再現することで、クローンにおける表現型分散のヘテロシスを検証した。その結果、クローンにおける表現型の分散が交雑によって減少することがわかった。さらに、近年ヘテロシスとの相関が指摘されている“differential gene expression”（親と異なる遺伝子発現となる現象）も計測し、表現型分散のヘテロシスとの正の相関が示された。加えて適応度地形の特徴として、有性生殖を伴う進化において一つ山の適応度地形に収束することがヘテロシスを生じさせていたことも示唆された。本発表ではこれらの結果に加えて交雑にまつわる他の現象などとの関連についても議論したい。

ヒト腸内メタトランスクリプトームから検出されたRNAウイルス

○杉本竜太¹ 西村瑠花^{1,2} 井ノ上逸朗¹

1.国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室

2.総合研究大学院大学 遺伝学専攻

現在、RNAファージのゲノムはRefSeqに2科27種が登録されている。これはRNAファージ全体の多様性のごく一部であると考えられている。我々は特にヒト腸内メタトランスクリプトーム配列からRNAファージの検出を試みた。同一人物の糞便サンプルからDNAとRNA両方をシーケンシングしたオーミクスデータを解析し、DNAから転写されたものでないRNA配列を抽出した。この中から7,321のRNA依存性RNAポリメラーゼ(RdRP)をコードするコンティグを検出し、系統分類を行った。配列相同性による方法で既知のRNAファージに分類されるコンティグは存在しなかったが、一部のPicobirnaviridae科に分類される配列が原核生物の獲得免疫記憶CRISPRによって標的とされていた。さらに我々は検出されたPicobirnaviridae科のゲノム上のRdRP遺伝子上流に原核生物リボソームバインディングサイトのモチーフがあることを確認した。ポスター発表で我々はヒト腸内オーミクスデータと解析方法、結果の詳細を報告、議論する。

単細胞ホロゾアのNotch様遺伝子:細胞接触感知メカニズムの起源 Capsaspora Notch like gene reveal – The origin of cell-cell contact sensing

田中颯真

県立広島大学 総合学術研究科 生命システム科学専攻

Notchタンパク質は、隣接した細胞同士の接触を感知することでシグナルを伝達する。このシグナルは、動物の多細胞体制を構築する上で、重要な役割をはたしている。我々は、Capsasporaという動物に近縁な単細胞生物から、Notch遺伝子の原型を2種発見した。CapsasporaにおけるNotch様遺伝子の機能を知ること、単細胞生物から動物への進化の過程において、動物の細胞感知機構がどのように作られたかを推測することができる。本発表では、CapsasporaのNotch様遺伝子の機能解析の結果を報告する。Notch様遺伝子をCapsaspora細胞で過剰発現させた結果、NICDの核移行等の分子的な機序が、保存されていることがわかった。加えて、日数経過とともにNotch様タンパク質の核移行個体が増加すること、ある条件下では、初日でも核移行個体が観察できること、日数経過で浮遊細胞が増加することが分かった。これらのことから、単細胞ホロゾアにおけるNotch様タンパク質の機能は、周囲の環境を認識して、アメーバから浮遊へのライフステージの切り替えに関わっている可能性が示された。

シン・近隣結合法：PANJEP法が問い直す系統解析の常識

○松井求（東京大学大学院新領域創成科学研究科）、岩崎渉（東京大学大学院新領域創成科学研究科）

今、系統解析が問い直されている。特に、最大節約法・最尤法・ベイズ法については、それらが出発点とするMultiple sequence alignment (MSA) をめぐる様々な問題が顕在しつつある。例えば、進化距離が著しく遠い場合は、十分な情報量を持つMSAを構築することが難しい。また、protein-sharing networkから系統樹を推定したい場合は、そもそもMSAを構築することができない。一方で、近隣結合法は、MSAの代わりにPairwise sequence alignment (PSA) を使用可能なため、MSAにまつわる問題を回避することができるが、今度はMSAを前提とするブートストラップ法で内部枝を評価することができなくなる。そこで、我々はPSAに基づく新たな内部枝評価法「Edge Perturbation (EP) 法」を開発し、さらにPSA及びNJ法と組み合わせたPANJEP (PA+NJ+EP) 法を実装することで、既存手法が適用困難だった様々な問題を解決できるようにした。本成果を踏まえ、アライメントと系統解析の関係を問い直し、より良い系統樹推定について議論したい。

Farris系統樹で発生する長枝誘引

○仲田昇平（静岡大学大学院 総合科学技術研究科農学専攻）・渡邊知輝（岐阜大・院連農）

堀池徳祐（静岡大・農）

分子系統解析を行う際、誤った系統樹が推定されることがあるが、その原因の1つとして長枝誘引が知られている。長枝誘引とは、系統樹内に他よりも長い枝を持つ遠縁関係の2種が存在する場合において、長枝同士が最近縁としてグルーピングされてしまい、誤った系統樹が推定される現象である。もし、元々長枝同士が最近縁ではないFelsenstein系統樹に長枝誘引が発生すると、元々長枝同士が最近縁であるFarris系統樹と樹形が同じになるため、外見上両者を判別できなくなる。2本の長枝の一方を削除する判別法が存在するが、それが重要な種である場合は削除できない。我々は先行研究において、長枝を段階的に伸長する進化シミュレーションを行い、得られた樹形及び枝長の記録を用いて機械学習による真実の系統樹判別を試みた。しかし、高精度に判別できなかった。一方で、Farris系統樹の解析結果と長枝誘引が発生したFelsenstein系統樹の解析結果には共通点が見られ、Farris系統樹でも長枝誘引が発生している可能性が考えられた。そこで本研究では、先行研究と異なる設定値で進化シミュレーションを行い、Farris系統樹とFelsenstein系統樹のシミュレーションデータを比較することで、Farris系統樹でも長枝誘引が発生するのか検証した。

P - 33 (学)

大腸菌の高温適応進化におけるGroELの機能変化

外山 弘恵

東邦大学大学院理学研究科生物分子科学専攻岸本研究室

我々は大腸菌の高温適応進化系を構築し、2系統で現在48.0°C以上の完全適応株の樹立に成功している。ゲノム解析を行なった結果、両系統で変異率が進化と共に上昇し、47.9°C時点から低下していた。さらに、プロテオスタシス系への変異蓄積も両系統で有意に認められた。本研究では、プロテオスタシス系の中心因子であるシャペロニンGroELに注目した。GroELをコードするgroLは、必須遺伝子であるにも関わらず変異が4つ蓄積していた。そこで、固定された4つの変異である、プロモーター領域欠失変異、D41N、V126A、G9Aがそれぞれ付与する機能の解析を行った。その結果、プロモーター領域欠失変異は発現量の増加、D41Nは不溶性タンパク質の減少、V126Aは熱安定性の増加、G9Aは熱安定性の低下がそれぞれ示唆された。プロモーター領域欠失変異とD41Nが組み合わさることにより、高変異率下で生じる有害変異を有益にしていた。加えて、変異率が上昇から低下へ移行する時期と、変異によりGroELへ付与される機能が安定化から不安定化となった時期が一致していることから、変異率上昇による有害変異効果の緩和とGroEL機能に相関があると示唆される。

P - 35 (学)

頭蓋骨形態と系統情報から導く曲鼻猿類の進化プロセス

○豊田直人（京都大学ヒト行動進化研究センター

生物科学専攻 系統発生分科）、西村剛（京都大学ヒト行動進化研究センター）

曲鼻猿類は、マダガスカル島に生息するキツネザル類と、アジアおよびアフリカ大陸に生息するロリス・ガラゴ類からなる。キツネザル類は、その進化史の初期に様々なニッチに進出して、表現型を多様化させ種分化したと考えられている。つまり、これは古典的な適応放散の好例である。一方で、ロリス・ガラゴ類の進化的放散は限定的であったとされる。本研究では以上の進化シナリオを検証し、現在みられる曲鼻猿類の多様性をもたらした進化プロセスを明らかにすることを目的とする。12属のキツネザル類、および8属のロリス・ガラゴ類の頭蓋骨を対象として、幾何学的形態計測による定量的な解析を行った。系統樹を用いて進化プロセスを推定することで、形態進化の速度やパターンを推定した。キツネザル類は、古典的な適応放散による予想とは異なり、その進化史の初期に急激な種分化と表現型の多様化を示さなかった。さらに、中立進化の帰無仮説を棄却できなかった。対照的に、ロリス・ガラゴ類の系統では表現型の急速な多様化および適応進化のシグナルを検出できた。今後、遺伝学的手法も統合することで、より多角的なアプローチからこれらの進化プロセスの推定を行いたい。

P - 34 (学)

鳥類足部筋の相同性

○久保孝太(北大理) 、平沢達矢(東大理) 、小林快次(北大博)

鳥類の足は、踵関節を越えて伸びる外在性の指屈筋（flexor perforates, FP）を含む特有の筋骨格系を持つが、その進化過程は理解が進んでいない。この問題の解明を進めるために、ニワトリの足部筋骨格系の発生過程の精密解析を行い、FPが爬虫類のどの部分に対応するかを調べた。その結果、FPの筋原基は爬虫類の指屈筋（flexor digitorum brevis superficialis, FDBS）と対応する位置で発生し、その後FPの筋腹は踵関節より近位側へ相対的位置変化をすることが明らかになった。従って、鳥類のFPは爬虫類のFDBSと相同であることが分かった。また、この発生過程とともに、中足骨の配列は爬虫類型の平行に並んだ幅が広い形状から幅が狭まり鳥類型の束状へ変化していた。中足骨の掌側にFDBS筋腹があると、屈曲運動を可能とする構造上の制約により、その筋腹の幅に一致するように中足骨の配置も幅が広い爬虫類型となると考えられる。そのため、中足骨の掌側に筋腹がないFPへと進化した後で、鳥類型の束状の中足骨パターンが進化するようになったと推定される。化石記録によると、非鳥類恐竜・コエロロサウルス類で既に鳥類型の束状の中足骨形状が進化していたことが迎れることから、FPの進化的起源はこの系統以前であった可能性が高い。

P - 36 (学)

異なる条件での in vitro 進化実験の比較による集団の存続条件の探索

○湯川香東1, 吉山友明2, 水内良3,4, 市橋伯一1,3,5

1東大・総合文化, 2阪大・院情報, 3東大・先進科学, 4JSTさきがけ, 5東大・生物普遍性研究機構

RNA複製酵素であるQ β replicaseをコードするRNAと再構成翻訳系からなるRNAのin vitro 進化実験では、複製能力の情報を持つHostと、複製能力を持たずHostの複製酵素を利用して増やされるparasiteの競争によって進化が駆動されることが観察されている。この系を用いて、これまでに人力による進化実験(manual evolution)と自動化された進化実験(automated evolution)が行われてきたが、これらの進化の違いの一つとして、manual evolutionでは集団が絶滅することなく存続する一方、automated evolutionでは複数回の絶滅が観察されたというものがある。

そこで、本研究はこの2つの進化実験を解析し、どのような実験条件の差異によって集団の存続性に違いが生じたのかを検討することによって、集団が存続するための条件を探ることを目的としている。これまでに、RNA系列の分化の有無が大きな特徴として見られ、この違いは物理的な実験条件の差異から生じた可能性がある。

P - 37 (学)

ショウジョウバエの生殖休眠の地域系統差に時計遺伝子は関与しているのか？

○藤近敬子¹、高橋文^{1,2}

¹:都立大・院理・生命 ²:都立大・生命情報セ

生殖休眠とは温帯や亜寒帯に生息する昆虫が生存に不利な冬の訪れを感知すると、生殖器官の発達を抑制することで生き延びるための生理反応の一つである。昆虫が冬の訪れを感知するための環境シグナルとして、温度や日長の変化があげられる。多くの昆虫で概日リズムの形成には光刺激が関わる事が知られており、日長の変化は概日リズムに影響すると考えられる。よって、生殖休眠を誘導するメカニズムと概日リズムを形成する時計遺伝子との関連が示唆されている。

ショウジョウバエの野生種、*Drosophila suzukii*や*D. traiauraria*は野外での生殖休眠が報告されている。これら2種においては、生息する地域の環境の違いにより、生殖休眠を誘導する系統としない系統が存在することが知られている。本研究では、2種の生殖休眠の地域系統差をもたらす原因に時計遺伝子が関与しているのかを調べるため、まず時計遺伝子の1日の発現変動パターンに与える日長や温度の影響を調べた。2種のそれぞれの系統を、生殖休眠を誘導する条件下におき、ショウジョウバエの6つの時計遺伝子の発現変動パターンを調査した結果を報告する。

P - 39 (学)

気孔をもたないコケ植物ゼニゴケにおける気孔形成関連遺伝子の機能解析

○守屋健太¹、白川一²、Jeanne Loue-Manifel^{3,4}、松田頼子⁵、田村謙太郎⁶、岡義人¹、松下智直¹、西村いくこ⁷、Gwyneth Ingram³、西浜竜一^{5,8}、Justin Goodrich⁴、河内孝之⁵、嶋田知生¹

¹京大・院理、²NAIST、³ENS de Lyon、⁴Edinburgh Univ., ⁵京大・院生命、⁶静岡県立大・食品栄養、⁷甲南大・理工、⁸東京理科大・理工

気孔は陸上植物の表皮に存在するガス交換器官であり、その発生にはサブファミリーIaおよびIIbに属するbHLH型転写因子 (Ia-IIb bHLH) が中心的な役割を果たしていることが知られている。陸上植物の中でコケ植物のタイ類に属する種はすべて気孔をもっておらず、気孔の進化を考える上で重要である。水中に適應した場合など、二次的に気孔を喪失した植物種は気孔形成に関わる遺伝子を失っていることが明らかとなっていたため、タイ類にもIa-IIb bHLHをコードする遺伝子は存在しないと考えられていた。私たちは、タイ類のモデル植物であるゼニゴケに気孔発生に関わるbHLH型転写因子のオルソログが存在することを発見し、機能解析を行ってきた。その結果、ゼニゴケのIa bHLHを被子植物シロイヌナズナにおいて発現させると、気孔形成を一部制御することができることがわかった。また、遺伝学的解析により、ゼニゴケにおいては孢子体の蒴柄（さくへい）という、コケ植物のみがもつ気孔とは全く異なる組織の発生を制御していることが明らかとなった。本発表では、陸上植物の気孔と蒴柄の発生メカニズムや進化に焦点を当てて議論する。

P - 38 (学)

オウトウショウジョウバエとその近縁種間の異なる交尾姿勢に関わる雄の前脚形態進化の遺伝基盤の解明

○山本廉太¹、高橋文^{1,2}

¹都立大・院理・生命、²都立大・生命情報研究センター

交尾に関わる形態は性選択によって他の形態と比べ急速に進化し、生殖的隔離を引き起こす可能性がある。オウトウショウジョウバエ(*Drosophila suzukii*)の雌は他のショウジョウバエとは異なり硬い新鮮な果実へ産卵するための鋭く細長い産卵管を有している。この産卵管は交尾器の接合にも関与することから雄の交尾器との共進化が起こり、近縁種であるニセオウトウショウジョウバエ(*D. subpulchrella*)との間で生殖的隔離が引き起こされていることが示唆されている。

本研究では更に、この2種について交尾時の姿勢と、交尾開始時に雌の腹部を掴むことに利用されている雄の前脚の長さに着目した。この2種の交尾姿勢を比較するとオウトウショウジョウバエではニセオウトウショウジョウバエよりも交尾時の雌雄間の距離が大きく、前者の雄は後者の雄と比較してより長い前脚を持つことがわかった。この形態進化は、より離れた距離から雌を掴むために起きた可能性が示唆される。脚の形態形成に関わる遺伝子の発現解析と、候補遺伝子の機能解析に向けたCRISPR/Cas9システムを用いたゲノム編集技術の構築についても紹介する。

P - 40 (学)

東アフリカ産シクリッドにおける肥大化した唇の分子実態解明

○待井長敏¹、畑島諒¹、中村遥奈¹、丹羽達也^{1,2}、長澤竜樹¹、二階堂雅人¹

¹: 東京工業大学 生命理工学院

²: 東京工業大学 科学技術創成研究院

東アフリカ三大湖(ヴィクトリア湖・マラウィ湖・タンガニィカ湖)には生態・形態ともに多様なカワスズメ科魚類・シクリッドが数百種生息している。シクリッドは各湖において独立に、大規模な多様化を遂げたことで知られ、結果として湖を超えた平行進化が多数確認されている。その中でも肥大化した唇は三大湖の各湖で独立に獲得され、食性適応と深く関わる進化的に興味深い形質である。一方で唇肥大化は複数の遺伝子座に関わる複雑な形質であり、その分子メカニズムは明らかになっていない。そこで本研究は組織・タンパク質・遺伝子発現の3つの階層のデータを統合して解析することで、複雑な唇肥大化の分子実態解明を目的とする。これまで得られた結果から、唇肥大化はプロテオグリカンの蓄積に起因する可能性が示唆された。特にプロテオグリカンの一つであるVersicanはプロテオームおよびRNA-seqでヴィクトリア湖の唇肥大化種から検出されており、ヒトにおいて側鎖の糖を介して組織の体積増加に関わる機能が知られている有力候補である。本研究によってこれまで難航していた複雑な形質の平行進化が分子レベルで明らかになることが期待される。

P - 41 (学)

コウモリにおける超音波発射能力獲得の進化史 —成獣の解剖と胚発生の比較から—

○山本 知希¹、臼井 郁²、土岐田 昌和¹

¹ 東邦大・理・生物 ² 東邦大・院理・生物

コウモリ類は自らが発射する超音波（パルス）と対象から跳ね返ってくる反響音（エコー）の差を感知し、空間における自らの位置や周囲の物体の位置を認知する反響定位を行う。コウモリ類は反響定位能力を獲得したことで、視覚が利用できない暗闇の中を自在に飛び回り、餌を捕らえるという独自のニッチを手に入れた。コウモリ類の反響定位の進化過程については、内耳にある蝸牛の形態・発生学的調査から調べられてきたが、結論は得られていない。そこで本研究では、コウモリ類の反響定位獲得機構解明の端緒を掴むため、超音波を発するヤングコウモリ亜目およびキクガシラコウモリ上科、超音波を発しないオオコウモリ科、そしてコウモリ類の外群として扱った真無盲腸目のモグラ類の各系統に属する種の成獣の喉頭部の形態を比較し、超音波発生に必要な形態形質の特定を試みた。また、オオコウモリ科のエジプトルーセットオオコウモリ、キクガシラコウモリ上科のキクガシラコウモリ、ヤングコウモリ亜目のユビナガコウモリの胚発生を観察し、上記形態形質の発生様式を調べた。

P - 43 (学)

日本のコウゾ属の分類と渡来経路の解明

○吉村茜¹、深沢知加子¹、坂本勇²、北村皆雄³、本橋令子¹

¹静岡大学大学院、²東京修復保存センター、³ヴィジュアルフォークロア

古くから日本の紙の原材料はクワ科コウゾ属の比率が高いとされている。コウゾ属はカジノキ（*B.papyrifera*）、ヒメコウゾ（*B.kazinoki*）、及びツルコウゾ（*B.kaempferi*）の3種と、ヒメコウゾとカジノキの交雑により生じた雑種コウゾ（*B.kazinoki*×*B.papyrifera*）によって構成されているが、分類学的背景が非常に複雑で、現在も明確な区分けがされていない。また、日本においてカジノキは外来種とされており、いつどのような経路を辿って日本に渡来したのか未だ解明されていない。本研究では、日本全国のクワ科コウゾ属、クワ科クワ属の葉の63サンプル、海外のコウゾ属の葉の標本の29サンプルについて、葉緑体ゲノムのPS-ID、Tand-2、Tand-3領域、核ゲノムのTOPO6領域の配列を決定し、コウゾ属の分類を行った。葉緑体ゲノムを用いた解析結果では、5つのグループ型に分類することができ、I型には日本本土のカジノキ、II型には沖縄や奄美大島のカジノキ、III、IV型にはヒメコウゾ、雑種コウゾ、ツルコウゾ、V型にはクワ科クワ属のヤマグワが分類された。日本には日本本土のカジノキ、沖縄のカジノキの二つの葉緑体ゲノム型が存在し、カジノキとそれ以外の種に分けることができた。

P - 41 (学)

SARS-CoV-2とコウモリコロナウイルスにおけるFurin cleavage siteの解析

○藤田滋（1）伊東潤平（1）、佐藤 佳（1）

（1）東京大学 医科学研究所 感染・免疫部門 システムウイルス学分野

現在パンデミックを起こしているSARS-CoV-2は、ベータコロナウイルス科のサルベコウイルス亜属に属する。サルベコウイルス亜属には、2003年に発生したSARS-CoV、コウモリやゼンザンコウから見つかったSARS関連コロナウイルスなども含まれている。SARS-CoV-2のSpikeタンパク質のアミノ酸配列には、その他のサルベコウイルスにはない、宿主のプロテアーゼであるFurinにより切断される配列（Furin cleavage site, FCS）があることが知られている。SARS-CoV-2のFCSを欠損させると動物実験において病原性が低下することが示されており、ウイルスの機能にとって重要な領域であると考えられている。本研究では、SARS-CoV-2が進化的にどのようにFCSを獲得したかを明らかにし、FCS獲得によるウイルスの形質の変化を明らかにするため、SARS-CoV-2を含むサルベコウイルスの詳細な比較ゲノム解析を行なった。過去の報告通り、FCSはSARS-CoV-2に特異的に存在した。一方で、Furinによる切断に重要なもう一つのモチーフである「QTQTNモチーフ」は、SARS-CoV-2に近縁なウイルスも保有しており、FCS獲得よりも前に獲得された配列であることが明らかとなった。今後は、進化系統解析とウイルス学実験の両方を駆使し、FCS獲得の進化的意義について探っていきたい。

P - 44 (学)

クワガタムシ科におけるtransformer遺伝子の解析

○大津樹（静大理・生物）、共著者：山内花音（ヤマウチ カノン）、静岡大学理学部 生物科学科（静大理・生物）

指導教官：後藤寛貴（ゴトウ ヒロキ）、静大院・総科、静大理・生物

昆虫の性決定の分子カスケードは分類群ごとに非常に多様化していることが知られる。本研究で注目する「transformer遺伝子（tra）」はこの性決定カスケード中の遺伝子の1つである。多くの完全変態昆虫においてtraはメスでのみ機能的なTraタンパクが発現し、メス化に必須な遺伝子となっている。このtraによるメス化機能は、比較的良く保存されているが、種間での配列相同性は低い。また同じ完全変態昆虫の中でも、分類群によっては消失や重複後機能分化などの進化的変化も示すなど「性決定制御機構の進化の鍵」として注目されている遺伝子である。本研究では日本のクワガタムシ5種を用いて、traのcharacterizationを行った。結果、複数の種でtraの重複が確認され、その数は種間で異なっていた。これはtraの機能分化の可能性を示唆している。さらに、特定の種では雌雄の両方で同一の機能的なtraの発現が見られた。これは、一般的に見られるtraの発現パターンとは異なり、traを介した性決定に関わる未知のメカニズムがある可能性がある。

P - 45 (学)

EPuCov: a phylogeny-free evolutionary probability method for testing neutrality at amino acid and nucleotide sites

○Yujia Cai¹、Koichiro Tamura^{1,2}

¹ Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan University

² Research Center for Genomics and Bioinformatics, Tokyo Metropolitan University

A fundamental subject in evolutionary biology is to know how changes in genotypes cause changes in phenotypes. In recent years the genome-wide association studies (GWAS) have been developed to solve this issue. However, as a nucleotide or amino acid is fixed in population quickly by natural selection, the applicability of the variation-dependent GWAS is limited. In this context, the variation-independent evolutionary probability (EP) method was developed by Li et al. (2016). However, the EP method requires a guide phylogenetic tree, which is not always reliably estimable. In this study, we propose a new evolutionary probability method, named EPuCov (evolutionary probability using the covariance), that does not require a guide tree. Using computer simulations and empirical data analyses, we found that the EPuCov method performs better in identifying non-neutral amino acid substitutions, non-coding nucleotide substitutions, and synonymous mutations with ten times faster computation time than the original EP method. Our computer program implements the EPuCov method in JAVA providing a user-friendly graphical user interface.

P - 47 (学)

植生スペシャリストは種分化しやすいか？

○西口智也¹、三上智之²、岩崎渉¹

1: 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、2: 国立科学博物館 地学研究部

新しい種が生じる確率は一様ではなく、形質や環境によって異なると考えられてきた。中でも、種分化率に影響を与える要素として長らく関心を持たれてきた特徴の一つが、利用する資源の幅である。利用する資源の幅と種分化率についての仮説の1つである resource-use 仮説では、少数の植生に生息する種（植生スペシャリスト）は、多数の植生に生息する種（植生ジェネラリスト）よりも環境変動に伴う生息地の分断化を受けやすく、その結果種分化しやすいと予想される。この仮説はいくつかの研究によって支持されているが、その検証例は哺乳類の一部のクレードに限られている。そこで本研究では、IUCN レッドリストの生息域データと Köppen-Geiger の気候区分を用いて約 5300 種の哺乳類の植生幅を定量化し、系統比較法によって植生スペシャリストと植生ジェネラリストの種分化率を推定した。その結果、哺乳類全体では resource-use 仮説を支持する傾向が見られたものの、翼手目・真無盲腸目・有袋類においては resource-use 仮説の予想に反して植生ジェネラリストの種分化率がより高く推定された。本発表では以上の結果について報告するとともに、大規模データに基づいた resource-use 仮説のアップデートについて議論したい。

P - 46 (学)

サトイモの渡来経路の解明

○斉藤惟奈¹、長田直樹²、篠村菜月¹、Wiluk Chacuttayapong¹、深沢知加子¹、小西達夫³、藤井浩¹、大村三男¹、本橋令子¹

¹ 静岡大学大学院、² 北海道大学大学院情報科学研究院、³ 進化生物学研究所

サトイモはインドや中国あたりが原産とされ、約 1、2 万年前に東南アジア付近で発祥した根栽農耕文化に伴い栽培され始めた植物である。日本の渡来ルートは明らかではないが、縄文時代には伝搬し栽培化したと考えられており、稲作が始まる前の重要な食料源だったと考えられている。人とともに輸送されたサトイモの動きを明らかにすることで、当時の人類（ヤボネシア人）の動きの解明に貢献できるとともに、サトイモのゲノム解析結果は乏しいゲノム基盤情報の拡充につなげることができる。本研究では、SSR マーカー解析、次世代シーケンサーを利用した新規マーカー作製技術の GRAS-Di 法を用いて系統解析を行い、21 개국 96 サンプルのサトイモ系統の遺伝的な違いを調べた。GRAS-Di 解析では 1,000 Meads/total のデータを得、得られた 300,891 マーカーから 5,315 マーカーに絞り込み、DARwin software を用いて系統樹を作成した。また、アンプリコン配列をリファレンスゲノムにマッピングして約 1 万の SNP を検出し、PCA, Admixture, NJ tree, f 系統量などの解析を行った。解析結果から日本に古くから自生するサトイモの多くはエグイモに属し、これらは蓮葉芋・土垂、平大葉と近縁であることが示された。

P - 48 (学)

Demography inference to understand behavioural divergence in a migratory songbird blackcap

○Jun Ishigohoka (Max Planck Institute for Evolutionary Biology)
Miriam Liedvogel (Max Planck Institute for Evolutionary Biology, Plön, Germany,
The Institute of Avian Research, Wilhelmshaven, Germany)

Divergence of behavioural phenotypes plays an important role in structuring animal populations. The Eurasian blackcap is a songbird species that exhibits a wide range of phenotypes in seasonal migratory behaviour (e.g. orientation, distance, timing, and propensity to migrate). As this variation in migratory behaviour is population-specific, demographic history of these populations provides crucial information to understand evolution of these migratory phenotypes and their underlying genetic mechanisms. Here, we characterise historical changes in size and isolation of blackcap populations with different migratory phenotypes using two population genomic approaches: (i) sequentially Markovian coalescent with MSMC2, and (ii) genome-wide genealogy with RELATE. Both approaches inferred qualitatively similar, yet distinct demographies of blackcap populations. The historical changes in relative cross-coalescent rate inferred by both methods suggest that continental migrant populations split from other populations slowly, while island resident populations split more abruptly. The inferred timings for these population splits vary between the methods from ~10,000 to 100,000 years ago. Additionally, we noticed initial parameter values for each method (ratio between recombination and mutation rates in MSMC2 and number of iterations of expectation maximisation in RELATE) result in systematic differences in inferred demography. Using coalescent-based population genomic simulations, we illustrate the effect of mismatch in population parameters on demography inference. Our data suggest that demography inference using population genomics provides essential insights in behavioural divergence across populations in non-model species, albeit optimisation of parameters to the focal species is crucial.

P - 49 (学)

遺伝子変換を考慮したY染色体の劣化ダイナミクス

○坂本貴洋、印南秀樹（総研大先導研）

Y染色体は、他の染色体と異なる進化の歴史を持つ。Y染色体の大部分では、X染色体との組み換えが抑制されており、無性的に進化が起こる。これにより、Y染色体は他の染色体と比べて有害変異を蓄積しやすく、現存のY染色体は、X染色体に比べて遺伝子数は大幅に少なく、多くの種で小型化している。この傾向は、ZW性決定様式におけるW染色体でも同様である。Y染色体が劣化する主要なメカニズムの一つがマラーのラチェットであり、理論的にもよく研究されてきた。これらの理論研究は、単一コピー遺伝子のみを考えてきた。しかし、近年のゲノム解析により、Y染色体上で遺伝子重複が数多く起こっており、重複遺伝子間で頻繁に遺伝子変換が起きていることが分かってきた。遺伝子変換がY染色体の劣化速度にどのように影響するのかは分かっていない。そこで本研究では、遺伝子重複と遺伝子変換を組み込んだ理論モデルを構築し、数学とシミュレーションによる解析を行った。その結果、遺伝子重複が適応度に与える影響によって、Y染色体の劣化ダイナミクスが大きく変わることが分かった。

P - 51 (学)

cis制御領域におけるSmadの結合配列の獲得が新しい遺伝子発現のパターンを生み出した

○柄澤 匠(北海道大・院環境科学院)、齊藤奈美歩(北海道大・理学部)・越川滋行(北海道大・院環境科学院, 北海道大・院地球環境科学研究院)

ミズタマショウジョウバエの翅脈上の水玉模様は新奇形質の進化メカニズムの研究に使われてきた。本種の模様は発生制御遺伝子winglessによって誘導される。過去に、着色予定位置の縦脈末端と横脈でwinglessの発現を制御するgutCVT-coreというcis制御領域が特定された。キイロショウジョウバエの相同な領域であるmelCV-coreは横脈のみで発現を制御しており、この領域の進化が縦脈末端のwinglessの発現と模様をもたらしたことがわかる。本研究では、cis制御領域のどのような進化が新奇の模様をもたらしたのかを特定するために、gutCVT-coreやmelCV-coreの一部の領域を欠く配列、2つの配列のキメラ配列の遺伝子発現制御機能を調べた。その結果、gutCVT-coreを5分割した時、翅脈全体で発現を促進する2つの領域と翅脈の一部で発現を抑制する1つの領域が発現パターン形成に必要であり、発現抑制機能はmelCV-coreも持つこと、Smadの結合配列が発現促進に必要であることが分かった。以上から、既存の発現抑制機能と新たに獲得したSmadの結合配列による翅脈全体での発現促進機能が組み合わせ、新たな模様が獲得されたことが示唆された。

P - 50 (学)

The Comprehensive Analysis of Structural Variant (SV) Profile in Mycobacterium tuberculosis (MTB) Genome and Their Association with Patient/Pathogen Phenotypes

○Wittawin Worakitchanon¹, Hideki Yanai², Pundharika Piboonsiri^{1,4}, Boonchai Chaiyasirinroj³, Nuanjan Wichukchinda⁴, Yosuke Omae⁵, Prasit Palittapongarnpim^{6,7}, Katsushi Tokunaga⁵, Surakameth Mahasirimongkol⁴ and Akihiro Fujimoto¹
¹Department of Human genetics, School of International Health, Graduate School of Medicine, The University of Tokyo, Tokyo, Japan
²Fukujiji Hospital and Research Institute of Tuberculosis (RIT), Tokyo, Japan
³TB/HIV Research Foundation (THRF), Chiangrai, Thailand
⁴Medical Genetics Center, Medical Life Sciences Institute, Department of Medical Sciences, Ministry of Public Health, Nonthaburi, Thailand
⁵Genome Medical Science Project, National Center for Global Health and Medicine, Tokyo, Japan
⁶Center for Microbial Genomics, Department of Microbiology, Faculty of Science, Mahidol University, Bangkok, Thailand
⁷National Science and Technology Development Agency, Pathumthani, Thailand

In this study, we provide a comprehensive view of structural variants (SVs) in Mycobacterium tuberculosis (MTB) genome and investigate their associations with patients and bacterial phenotypes. To explore a SV profile, we developed high accuracy detection method and applied to a large dataset of short-read whole-genome sequencing (WGS) from 1,960 clinical MTB isolates. Remarkably, 1,227 SV positions were detected across genome and 244 of novel SVs were in highly repetitive regions. We found that 242 SVs were significantly associated with patient and pathogen phenotypes.

P - 52 (学)

魚類に見られる鼻管の適応的意義と平行進化に関する研究

○伊藤隆晃（東京工業大学 生命理工学院）、西浦賀乃子（東京工業大学 生命理工学院）、木村優希（東京工業大学 生命理工学院）、中牟田信明（岩手大学 農学部）、長澤竜樹（東京工業大学 生命理工学院）、二階堂雅人（東京工業大学 生命理工学院）

一部の魚類では鼻孔が筒状に突出しておりこの構造は鼻管と呼ばれる。鼻管はポリプテルス目やウナギ目、キノボリウオ目など系統樹上の様々な位置で散見され、魚類の進化過程で独立して何回も獲得された形質であるものの、その機能については未知の点が多い。我々はこれまでに下位条鰭類であるポリプテルス (Polypterus senegalus)を用いてその機能を探ってきた。電子顕微鏡観察を行った結果、鼻管の先端部に繊毛が局在することがわかった。加えて鼻管の先端部には、味蕾のマーカーである抗カルレチニン抗体の陽性細胞が確認されており、これらの事から化学感覚の存在が示唆された。本発表ではさらにトランスクリプトーム解析を行うことで、分子生物学的観点から鼻管における化学受容の可能性を探っていく。さらには形態学的解析や行動観察も行うことで、鼻管が鼻腔への水の流れにどのような影響を与えているのかを検証する。これらの機能解析から魚類における鼻管の機能的意義を探ることで、鼻管の適応的な意義とその平行進化について議論したい。

P - 53 (学)

海洋進出を果たしたウミガメの鰭状四肢形成

○佐藤大夢（東邦大学 理学研究科 生物学専攻）、土岐田昌和（東邦大学 理学研究科 生物学専攻）

海から陸へと進出した羊膜類（爬虫類、鳥類、哺乳類）のうち、いくつかの系統はかつて祖先が暮らしていた海へと生活の場を戻した。海生羊膜類では海洋環境への適応形質が複数みられる。水中で推進力を生み出す鰭状に変化した四肢はその一つであり、ウミガメ類、ペンギン類、鯨類、鰭脚類および海牛類で共通にみられる。

ウミガメ類は海洋環境へ再進出した爬虫類の一系統である。その四肢は第2～4指の指骨が伸長することで腕や腿に比べ手足が相対的に大きくなるとともに、第1指および第2指の末節間以外の指間が結合組織と皮膚で占められ、硬化することで鰭へと変化している。しかし、ウミガメ類の鰭状四肢がいかんして作り出されているかはよくわかっていない。

本研究では、鰭状に変化した手足をもつアオウミガメ、指間は硬化しないがウミガメ類と同様に第2～4指の指骨が伸長することで腕や腿に比べ相対的に大きくなった手足をもつスッポンモドキ、指間が硬化せず指骨も伸長していない典型的な手足をもつスッポンならびにクサガメを材料に用いて、四肢の形成パターンを種間で比較し、ウミガメ類の鰭状四肢獲得機構を考察した。

P - 54 (学)

日本列島古代人のゲノムデータを用いた古代微生物解析

○西村瑠佳^{1,2}、杉本竜太²、神澤秀明³、篠田謙一³、井ノ上逸朗^{1,2}

1. 総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻
2. 国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室
3. 国立科学博物館 人類研究部 人類史研究グループ

古代人の遺骨やミイラ化組織から得られる古代DNAの中には、古代人ゲノムに加えて古代人の体内に存在していたと見られる細菌やウイルスのゲノム情報が含まれていることが知られている。これらの古代微生物を調べることによって、古代人の間で起こっていたパンデミックや古代人の生活習慣と微生物との関連性などを明らかにすることが可能である。しかし、今までに解析された微生物の多くは病原性を持つものに偏っていた。また、日本列島における古代微生物の全貌は明らかでなかった。本研究では縄文人をはじめとする日本列島に生存した古代人の歯髄や歯石から得られた全ゲノムシーケンシングデータを用いて古代微生物の探索を行った。その結果、ヒトの口腔内に常在する細菌やそれに感染するウイルスの存在が多数明らかになった。これらの細菌やウイルスの組成をサンプル毎に特徴付け、比較を行ったところ古代と現代の間で差が見られた。この結果は古代人と現代人との間の生活の違いなどを反映していると推測される。

P - 55 (学)

転写因子DMRT1のドメイン進化:ordered vs disordered domains

○石川直樹¹、林舜²、藤谷和子³、岡野即仁²、須田皓介²、奥山ほのか²、田村啓^{1, 2}、高松信彦^{1, 2}、伊藤道彦^{1, 2}、伊藤道彦¹

¹北里大学・理・分子生物、²北里大学・院理、³北里大学・医指導教官 伊藤道彦

タンパク質は、三次元構造という観点から、構造が安定なordered domain(OD)と単独では不安定であるが分子間相互作用により安定化するdisordered domain(DD)に分けることができる。一般的な転写因子は、ODであるDNA結合領域とODとDDからなる転写調節領域からなるが、ODとDDの分子進化、およびそれらの組合せという観点からの分子機能進化の知見は乏しい。本研究では、転写因子の分子機能進化を、タンパク質構造ドメインという観点から解明することを大きな目的として、生殖細胞発生と体細胞のオス化に関わる転写因子DMRT1に関して、脊椎動物各種を用い、OD3箇所とDD4か所のそれぞれにおいて塩基およびアミノ酸レベルでの分子進化を比較解析した。その結果、OD領域はいずれも、DDに比べより高い純化選択を受けている傾向が示唆された。我々は以前、転写活性化の解析から、DMRT1は哺乳類祖先で転写調節領域が2箇所から1箇所に集約した可能性を示した。本発表では、分子進化解析の結果に加え、この機能進化と各ドメイン進化との関連性について。

P - 56 (学)

ヒグマはどのように分散し、定着したか？-全ゲノム解析によるユーラシア内陸部と島嶼のヒグマの移動史-

○遠藤優（北海道大学）、長田直樹（北海道大学）、間野勉（北海道立総合研究機構）、Alexei V. Abramov（Zoological Institute, Russian Academy of Science）、増田隆一（北海道大学）

ヒグマUrsus arctosは、気候変動に伴い複数回にわたって北半球の広範囲に拡散し、個体群によって様々な集団動態を経験したと推定されている。よって、生物の移動史と気候変動の関連性を解明する上で重要なモデル生物である。本研究では、これまで報告例がなかったユーラシアにおける6つの個体群のヒグマを対象に全ゲノム解析を行い、各個体群の成立過程を検討した。

ミトコンドリアDNA(mtDNA)の系統樹では地域内に複数の系統が確認される一方、Y染色体、X染色体、常染色体の系統樹では地域ごとに分けられた。初期に分岐したmtDNAハプロタイプが報告されていたカザフスタン、チベットの個体は常染色体でも他地域と異なることが示された。複数のmtDNAハプロタイプが混在する西アジア、中東の個体は核DNAでも遺伝的多様性が高かった。エトロフ島の個体は北海道と極めて近縁であり、遺伝的多様性が低かった。サハリンの個体は北海道と近縁であるものの、より大陸の個体と近縁であり、最終氷期における集団動態に違いが見られた。

以上のように、全ゲノム解析の結果から、ユーラシア大陸および極東島嶼部のヒグマが多様な集団動態や移動史を経験してきたことが明らかとなった。

P - 57 (学)

イネにおけるファイトアレキシン生合成遺伝子の進化

○假谷佳祐1, 吉川貴徳2, 寺石政義2, 上野琴巳3, 石原亨3
1 鳥大院連農, 2 京大院農, 3 鳥大農

植物は、病原菌の感染を受けると抗菌性化合物ファイトアレキシンを蓄積する。イネのファイトアレキシンであるオリザラクトンは、限られた系統だけが蓄積するため、イネが最近獲得した化合物であると予想された。そこで、イネにおける化学防御の進化過程の解明を目的に、オリザラクトンの生合成遺伝子の同定を試みた。

オリザラクトン蓄積品種と非蓄積品種の交配により作出したF2集団の解析から、生合成に関与する新規遺伝子KSLXを同定した。KSLXは、テルペン合成酵素遺伝子KSL8およびKSL9と高い相同性を示した。イネの中には、KSLXを保有する系統とKSL8およびKSL9を保有する系統があり、その結果、オリザラクトン蓄積品種と非蓄積品種が存在するものと推定された。KSLXの5'末端側はKSL8と、3'末端側はKSL9と高い相同性を示した。KSLXは、KSL8の重複によるKSL9の出現、それに続くKSL8とKSL9との不等乗換えにより生じたと考えられた。また、*Oryza*属植物におけるこれらの遺伝子の分布から、このようなイベントはAAゲノム種の共通祖先で生じたものと推定された。

P - 59 (学)

アカショウジョウバエ自然集団の低温耐性獲得に伴うゲノムの経年変化

○上岡瑠奈1、小川佳孝1、田村浩一郎1,2
1都立大・院理・生命科学、2都立大・生命情報センター

アカショウジョウバエは、元来東南アジアの熱帯に分布していたが、1980年代に急速に分布域を拡大し、現在、温帯の西日本でも息が確認されている。アカショウジョウバエの日本集団は、台湾に由来したと考えられている。

先行研究により、実験集団を用いて低温による人為選択を継代的に続けた結果、低温耐性が大幅に向上した。そこで、実験集団で生じたような低温耐性の獲得が、実際の自然集団でも起こったどうかを検証するため、2016年に採集された台湾の集団と1991年、2011年、2020年に採集された日本の集団について、Pool-seqを用いて全ゲノム配列を決定し、日本の自然集団の遺伝的構成が過去30年間にどのように変化してきたかをSNPの頻度によって調べた。

集団間でFstを計算し、集団間の系統関係を調べた結果、台湾集団に最も近縁な日本の集団は1991年に採集されたもので、2011年、2020年の日本集団の順に遠縁になることがわかった。この結果から、台湾から日本への移住は主に1980年代に起こり、それ以降は実質的に起こっていないことが示唆された。また、日本への移住に伴う遺伝子頻度の変化を主成分分析によっても調べた。

P - 58 (学)

魚類における体表の化学感覚の探索

○桐ヶ窪寛、佐久間敦丈、長澤竜樹、二階堂雅人
東工大生命理工

化学感覚（味覚と嗅覚）は摂餌・忌避・生殖行動などを引き起こすことから、生物にとって極めて重要な感覚である。一般に味細胞は口（舌）に集約されている事が知られているが、近年ではマウスを用いた解析から、形態や発現遺伝子が味細胞と類似した細胞（孤立化学感覚細胞: SCC）が気管や消化管、尿管など、体中の様々な器官に散在的に分布することが分かってきた。これらの哺乳類のSCCは全て体内に分布し、体液などに溶けだした化学物質を感知している。その一方で、周囲を水に囲まれた魚類では、体表に推定100万細胞以上ものSCCが分布している事が知られており、周辺環境からの化学的シグナルを受容していると予想されている。しかし、魚類におけるSCCの情報は、形態学的・生理学的解析に限定されており、分子生物学的情報が不足している。本研究では、マウスでSCCが発見された時と同様に、味蕾のマーカー遺伝子を対象としたレポーターアッセイ系を用いて、ゼブラフィッシュにおけるSCCの局在の可視化を試みた。さらに本発表では嗅神経細胞のマーカー遺伝子の発現局在も同様に解析することで、魚類における体表の化学感覚の可能性について包括的に議論したい。

P - 60 (学)

海産キクイムシ属における多糖類分解酵素の解析

○杉田 智哉1、吉野 広軌2、朝川 毅守3
1千葉大学大学院 融合理工学府、2自然環境研究センター、3千葉大学理学研究院

これまでに日本産キクイムシ属（甲殻亜門ワラジムシ目）では野外採集と遺伝解析によって特定の樹種や海藻種のみを食べるスペシャリストの存在が示唆されている。また、ある種の木材食キクイムシでは内在性セルラーゼのみによる木材セルロースの分解が知られているが、褐藻食キクイムシの多糖類分解酵素については明らかになっていない。

そこで、褐藻食キクイムシのもつ多糖類分解酵素を明らかにするとともに、キクイムシ属における食性と多糖類分解酵素発現との関係の解明を目指し、研究を行った。

本研究では褐藻食種1種と木材食種1種に対してRNA-seqを用いて発現している酵素の機能推定を行うとともに、それぞれの酵素について発現量差異解析を行った。

その結果、褐藻食種においてラミナラン分解酵素の多量発現が確認された。また、両種間で発現している多糖類分解酵素の種類に大きな違いは見られなかったが、一部で発現量に有意差がみられた。

これらの結果から、調査した褐藻食種が褐藻中のラミナランをエネルギー源として利用している可能性及び、キクイムシ属における食性に合わせた多糖類分解酵素発現量の変化による異なるホストへの適応が示唆された。

P - 61 (学)

RNAの構造ゆらぎと進化の可能性との関係の探索

○前田祐太郎（東京大学大学院総合文化研究科）、水内良（東京大学大学院先進科学研究機構、JST PRESTO）、重信秀治（基礎生物学研究所）、芝井厚（理化学研究所）、小谷葉月（理化学研究所）、古澤力（生物普遍性研究機構、理化学研究所）、市橋伯一（東京大学大学院総合文化研究科、東京大学大学院先進科学研究機構、生物普遍性研究機構）

RNAは分子内で高次構造を形成することが知られており、その構造は流動的に変化し、構造の揺らぎが生じる。これまでの知見として、RNAの構造揺らぎの大きさと適応進化のしやすさは相関することがシミュレーションによる理論研究で提唱されている (Ancel and Fontana 2000)。しかし、進化と揺らぎの因果関係を実験的に検証した例は少ない。私たちはこれまで自己複製RNAシステムを用いたRNAの進化実験を行っており、この進化過程のRNAから揺らぎと構造揺らぎを求め、構造揺らぎと進化可能性が相関するかどうかを実験的に検証することを目的とした。

私たちが行った進化実験で得られたRNAの構造揺らぎを、二次構造予測アルゴリズムを用いて測定すると、進化の進行とともに構造揺らぎが減少する傾向がみられた。次にこのRNAに蓄積した有益な突然変異の総数を測定すると、構造揺らぎと正の相関がみられた。さらにここで検出した有益な突然変異は、RNAの構造揺らぎを減少させる傾向があった。

以上の結果から、有益な突然変異の総数を進化の可能性とするならば、RNAの構造揺らぎは進化の可能性に影響を及ぼす一因であると考えられる。

P - 63 (学)

アノールトカゲの温度適応進化に関わるゲノム内保存・加速領域の検出

○坂本美久（1）、金森駿介（1）、Luis M. Díaz（2）、Antonio Cádiz（3）、石井悠（1）、中山卓郎（4）、山口勝司（5）、重信秀治（5）、河田雅圭（1）

1東北大学, 2Mus. Nat. Hist. of Cuba, (3) Habana Univ., (4) 筑波大学, (5) 基礎生物学研究所

生物種の様々な環境への適応機構を明らかにすることは、気候変動に対する種の応答を予測するためにも重要である。キューバに生息するアノールトカゲは開放高温環境、林縁中温環境、森林低温環境など異なる生息温度環境への進出が複数の系統で独立に起きたことが示唆されており、温度環境への適応メカニズムの研究に適した生物であると考えられる。本研究では、アノールトカゲの温度適応進化に関わるゲノム領域を特定するために、生息温度環境の異なる種を含む計7種のアノールトカゲの全ゲノムを用いて、進化的に保存、もしくは加速進化しているゲノム領域の検出を試みた。生息温度環境の類似する系統に共通して塩基配列が大幅に変化(加速進化)している領域を含む・近傍にもつ遺伝子を探した結果、開放部の高温環境・森林部の低温環境に生息する系統の双方から概日リズムへの関連が予想される遺伝子や中枢神経系で発現して行動に関わる遺伝子が複数検出された。これらの加速進化領域は温度等の生息環境への適応において重要な役割を担っている可能性がある。

P - 62 (学)

ハリネズミの針形成に関する進化発生学的起源の解明

○黒瀬成美1、田中亮輔1、小林汐織1、重谷安代2、岡部正隆2、長澤竜樹1、二階堂雅人1

1東京工業大学 生命理工学院, 2 東京慈恵会医科大学

真無盲腸目に属するハリネズミは背側の体毛が針の形状に変わっており、外敵から身を守るのに適した形質に進化している。哺乳類の体毛は進化の過程で多様に変化してきた。その中でも針化した体毛を持つ種は、齧歯目のヤマアラシや単孔目のハリモグラなど、異なる複数の系統グループに存在している。つまり「体毛の針化」は異なる系統で何度も平行的に起こった平行進化の好例であり、興味深い現象である。

本研究では、ハリネズミを題材に体毛の針化メカニズムの解明を目指した。まず、異なるステージでの皮膚の組織観察を行った結果、針の見られる背側の皮膚に体毛の痕跡のような構造を確認することができた。これにより、針は、一部の体毛が特異的に大きく肥大化したものである可能性が示唆された。また遺伝子発現解析を行った結果、成長期の針では体毛と比較して多くのケラチン遺伝子の発現量が特異的に増加していることが分かり、針特有の太さや硬さにはこの発現増加が寄与している可能性が示唆された。

P - 64 (学)

人為選択システムを用いたアカショウジョウバエの低温耐性と代謝の関連解析

○井手翼1、田村珠雲1、田村浩一郎1,2

1都立大・院理・生命科学、2都立大・生命情報センター

アカショウジョウバエは元来、東南アジアの熱帯に分布していたが、1980年代に北上し、現在では西日本などの温帯にも生息している。この分布拡大には低温耐性の向上が大きく貢献したことが分かっている。また、本種の低温耐性は、飼育温度を5℃下げる低温順化によって大きく向上すること、地域系統間では低温耐性と代謝率の間に相関があることも分かっている。

そこで、本種の低温適応進化のメカニズムを調べるため、日本の集団の元になった台湾の集団に低温による人為選択を60世代に渡って行い、61世代目の集団から多数の単一雌系統を確立した。本研究ではそれらの人為選択システムを用い、人為選択による低温耐性向上の要因について、低温順化の効果、代謝率との関連を詳細に調べた。

その結果、低温耐性による人為選択の効果は、低温順化と低温順化以外の両方に及んだこと、人為選択は代謝率を上げても下げてもなかったが、低温耐性と代謝率の相関を無くす効果を及ぼしたことが分かった。これらの結果から、代謝率の低温耐性に対する直接的関連は確認されなかったが、間接的に何らかの効果を及ぼしていることが示唆された。

P - 65 (学)

細胞間連絡の起源：単細胞ホロゾアの受容体型チロシンキナーゼの活性

○日野礼仁1、白岩和沙2、重見開生2、菅裕2

1県立広島大学 総合学術研究科、2県立広島大学 生物資源科学部

多細胞性進化の分子メカニズムを解明するために、動物に近縁な生物群（単細胞ホロゾア）の持つ多細胞的な遺伝子の解明を行っている。カプサスポラは細胞間連絡に関わる遺伝子を多数ゲノムにコードしている。特に、動物の細胞間連絡で非常に重要な働きをしている受容体型チロシンキナーゼ（RTK）は92個見つまっている。RTKは動物において、主に細胞周囲の環境からシグナルに応答して活性化し、細胞増殖や形態変化など様々な細胞応答を調節している。カプサスポラのRTKも動物のもの同様、外部の刺激を細胞内に伝達していると考えられるが、どのような刺激を受け取っているのか明らかになっていない。これまでの研究から、カプサスポラはRTKを使って周囲の栄養状態の変化を感知していることを示唆する結果が得られている。そこで本発表では、これまで行っていた遺伝子の過剰発現解析、タンパク質レベルのリン酸化の解析に加え、RTK遺伝子の発現抑制解析を行った結果を報告する。

P - 67 (学)

卵泥棒・マタンビハンターのボトルネックと進化史

○今本南1、中村遥奈1、相原光人1、伊藤武彦1、二階堂雅人1

1東工大・生命理工学院

東アフリカのビクトリア湖には、形態・生態の多様な500種のシクリッドが生息している。シクリッドはその食性も多岐に渡り、中でも特殊な食性が他のシクリッドの卵・稚魚を捕食する卵・稚魚食である。「卵を奪う」捕食様式は口内保育を行うシクリッドに特徴的であり、その進化的起源や遺伝的基盤は非常に興味深い。本研究では卵・稚魚食者の中でもマタンビハンターと呼ばれる種の進化史に着目した。私はマタンビハンターにボトルネック効果が働いたことを全ゲノムレベルで明らかにした。近年ビクトリア湖への外来種の侵略の影響で約200種のシクリッドの絶滅が報告されており、マタンビハンターも外来種の影響で個体数を減らしたと考えられていた。一方で集団史の比較から、本種の個体数は外来種侵略前の約10万年前から継続的に減少していることがわかった。さらに本種が他のビクトリア湖シクリッドと異なる遺伝構造を有すると同時に、他の卵・稚魚食者のゲノム中に本種由来の遺伝的要素が多く含まれることが明らかとなった。したがってマタンビハンターのボトルネックには、近年の外来種侵略以外の要因が寄与した可能性があり、本種のユニークな進化的立ち位置について議論する。

P - 66 (学)

シクリッドにおけるV1R遺伝子の種間比較解析

○滝隼輔1、二階堂雅人1

1東工大・生命理工

東アフリカの三大湖には、急速な適応放散を遂げたシクリッドが数百種を超えて生息している。また、これらのシクリッドは遺伝的に近縁であるにもかかわらず、形態や生態が多様であることから、種分化のモデル生物として知られている。そのシクリッドにおいて我々は、真骨魚類で共通の6コピーが存在するフェロモン受容体候補V1Rに着目している。これまでに、東アフリカ産シクリッドの中で非同義置換が多く蓄積している種が複数存在することを明らかにした。特にV1R2では2つのアレル型（祖先型・派生型）がすべての湖で混在していることが確認された（Nikaido et al. 2014）。これはシクリッドが三大湖に放散する以前から多型が存在し、現在に至るまで何らかの理由で維持されていることを示唆する。しかし、そのメカニズムや多型が獲得された時期はまだまだ明らかになっていない。本研究では、シクリッド約600種900個体の全ゲノムシーケンスデータを用いた包括的なV1R遺伝子の種間比較解析および系統解析を行った。これらの解析結果から、シクリッドにおけるV1R遺伝子の多型の起源について議論したい。

P - 68 (学)

ヤマトシロアリの化学受容器で発現するリポカリン遺伝子における機能解明の試み

○小林 あんじ 1、花田 拓巳1、矢口 甫2、前川 清人3

1富山大・院・理工、2関西学院大・理工、3富山大・学術・理

フェロモンなどの疎水性低分子物質の運搬タンパク質であるリポカリンは、真社会性昆虫のシロアリにおいて、個体間相互作用に重要な役割を担う可能性が示されている。ヤマトシロアリ *Reticulitermes speratus* では、ゲノム上での重複が示され、カースト間で発現量が異なる遺伝子としても注目されている。シロアリの社会性の進化に関与するリポカリンのはたらきを理解するためには、各リポカリン遺伝子の機能をさらに詳しく明らかにする必要がある。そこで本研究は、ヤマトシロアリのワーカーの化学受容器で高い発現が確認されたRS008882に焦点を当て、機能の解明を目指した。まず、ワーカーにRS008882のdsRNAを注入した結果、コントロールと比較して、3日目と6日目においてRS008882の発現量の有意な低下が確認された。次に、先行研究に従って、道しるべおよび集合フェロモン様物質に対するワーカーの反応を調査するための実験系を確立した。本発表では、RS008882と他の嗅覚受容遺伝子の発現や機能を比較することで、リポカリン遺伝子の社会性の維持における役割を考察する。

P - 69 (学)

グッピーの色彩装飾形質の進化：Csf1シグナル経路がオレンジスポットと免疫応答に与える影響

○川本麻祐子・石井悠・河田雅圭
東北大学)

グッピーのオスは黒や青、白、オレンジ色の鮮やかな体色をもち、メスはオレンジスポットの面積と彩度を重視して配偶者を選択する。オレンジスポットは子孫に遺伝する生存力の指標となることで、配偶者選択の基準にされる装飾形質として進化したと考えられている。本研究ではオレンジスポットと生存力との関係を成立させる分子的・遺伝的基盤の解明を目的とした。

まずオレンジスポット形成時にはたらく遺伝子を調査するため、RNA-seqによりオスの皮膚の遺伝子発現を測定した。スポット特異的な遺伝子発現と、3つの体色形成段階に特異的な遺伝子発現からスポットへの関与が示唆された遺伝子には、免疫機能への影響も知られるCsf1シグナル経路に関連する遺伝子が含まれていた。

そこでCsf1シグナル経路活性とオレンジスポット、免疫力との関係を調査するため、阻害剤での活性の調節を行った。処理前後で体色を比較した結果、阻害剤がオレンジ面積と彩度を減少させる傾向が確認された。発表ではリポポリサッカライドに対する免疫応答への影響についても報告し、オレンジスポットがCsf1シグナル経路を介して免疫力の指標として機能する可能性を議論する。

P - 71 (学)

真骨魚類の対ビレにおけるShh遺伝子の機能分化とそこから生じる形態進化の可能性

○田中祥貴1、安齋賢1、阿部玄武2、田村宏治1
1東北大・生命科学研究所、2鳥取大・医学部生命科学科

四肢や魚類の対ビレ（胸ビレ、腹ビレ）のような脊椎動物の付属肢は、泳ぐ、握る、飛ぶなどの多様な運動を支えた重要な器官である。脊椎動物の付属肢の発生過程における重要な形成機構の1つとして、ZPAと呼ばれる付属肢後方領域でのオーガナイザーが存在する。真骨魚類は独自の全ゲノム重複を経験した魚類であり、その結果ゲノム上にshha、shhbと呼ばれる2つのShhを持つ。この2つのShhはゼブラフィッシュの対ビレにおいて発現時期、および発現領域に関する機能分化を生じているが、それぞれの詳細な働きについては明らかになっていない。本発表ではゼブラフィッシュにおけるshhbの機能解析を行うことで、機能分化したShhにより生じた真骨魚類の対ビレ形態進化の可能性について議論する。

P - 70 (学)

両生類及び肉鰭類ハイギョに特異的なミオシン重鎖遺伝子クラスターの分子進化

○加藤優斗1、宮坂拓実1、金子大輝2、横山悠里2、福井彰雅3、伊藤道彦1,2、高松信彦1,2、田村啓1,2
1北里大学・院理、2北里大学・理・分子生物、3中央大学・理工学部

筋肉の構成タンパク質であるミオシンの重鎖サブユニットはmyosin heavy chain (myh) 遺伝子にコードされている。筋細胞で発現するmyh 遺伝子の種類により、遅筋や速筋といった筋タイプが決定される。脊椎動物における骨格筋 myh 遺伝子は、複数の遺伝子座にクラスターを形成している。そこで、本研究は、筋肉を構成するmyh遺伝子の重複による運動器官の進化へ寄与を明らかにすることを目的として、脊椎動物の myh 遺伝子の分子進化および発現解析を行った。まず、種々の脊椎動物におけるmyh 遺伝子群のシンテニー解析を行ったところ、哺乳類心筋、速筋を含む myh 遺伝子クラスターは、脊椎動物で広く保存されていた。興味深いことに、有羊膜類や条鰭魚類各種や、肉鰭魚類のシーラカンスには存在しないが、肉鰭魚類のハイギョと両生類各種に特異的に存在するmyh 遺伝子群を発見した。この遺伝子群の発現を解析したところ、ツメガエル・アホロートルにおいて幼生期尾部で発現していることがわかった。これらのことから、この尾部で発現する myh遺伝子群は、肉鰭類から四足動物の進化過程において、シーラカンスの分岐後の両生類及びハイギョの共通祖先で獲得されたが、有羊膜類以降で消失した可能性が考えられた。

P - 72 (学)

細胞接着の起源ー単細胞ホロゾアのラミニン様遺伝子の機能解明

○傳保 聖太郎、小野あおい、福原光海、菅裕
県立広島大学 総合学術研究科生命システム科学専攻

カブサスポラは動物に近縁な単細胞生物であり、多細胞性進化研究のモデル生物である。カブサスポラは単細胞生物であるが、群体の生活環を持ち、ゲノムには多細胞を形成する上で重要であると考えられる細胞接着やシグナル関連の遺伝子と相同性を持つ遺伝子(多細胞的な遺伝子)が多数コードされている。しかし、それらの遺伝子の機能はほとんど明らかになっていない。カブサスポラの多細胞的な遺伝子を解析することは、単細胞時代にそれらの遺伝子がどのように利用され、それらの遺伝子にどのような機能的な転換や転用が起こったことで多細胞性獲得に至ったのかを理解することができる。ここでは細胞接着、その中でも基底膜に着目し、その主成分であるラミニンと相同性のあるカブサスポラの遺伝子を解析した。動物のラミニンは足場・細胞分化などの役割が知られているが、このラミニン様遺伝子の機能は分かっていない。今までの解析から、ラミニン様遺伝子は環境の変動に伴い生活環を能動的に変化させる因子なのではないかと考えている。本発表では群体など生活環に対する免疫染色とラミニン様遺伝子のノックダウン株作製の試みを報告する。

P - 73 (学)

オウトウショウジョウバエにおける雄生殖器 surstylusの機能及び遺伝的基盤の解明

○熊谷颯之1、酒井杏花1、藤近敬子1、田中健太郎1、上村佳孝2、高橋文1,3
1都立大・院理・生命科学、2慶応大・生物、3都立大・生命情報研究センター

オウトウショウジョウバエは近縁種のニセオウトウショウジョウバエよりも産卵管が細長く、硬い果実に産卵する。産卵管は交尾器の接合にも関与するため、雄の外部生殖器の形態は共進化し、種間で異なっている。その中で把握片 (surstylus) は、種間で顕著に形状が異なる。本研究ではsurstylusの交尾時における機能と種間の形態差に関する遺伝基盤を明らかにすることを目的とした。機能解析についてはクチクラを透明化させた交尾中ペアを用いた生殖器の観察とsurstylusの外科的な切除による交尾への影響を調べた。その結果、両種ともsurstylusは産卵管の先端付近を掴んでいること、切除が可能なオウトウショウジョウバエにおいて切除個体は雌をうまく把握できず交尾成功率が低下することが分かった。遺伝基盤の解明については、種間で形態差が生じる蛹期の生殖器原基を用いてRNA-seqを行い、種間で発現量の異なる遺伝子を網羅的に調べた。次に、戻し交雑個体を利用したQTL解析を行った結果、第三染色体上の一部に最も高いピークが見られた。この領域内にある発現変動遺伝子を対象に候補遺伝子の探索を行い、モデル生物であるキイロショウジョウバエを用いてRNAiノックダウンによるスクリーニングを進めた。

P - 75 (学)

Genomic divergence of *Drosophila albomicans* in Japan via migration from Taiwan

○Sultan Lulecioglu1, Yoshitaka Ogawa1, Koichiro Tamura1,2
1Dept. Biol. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., 2RCGB, Tokyo Metropolitan Univ.

Previous studies showed that *Drosophila albomicans* population in Japan is predicted to originate from Taiwan. Since Japan is northern to Taiwan and has a lower average temperature than Taiwan, we hypothesized that the genomic structure of the population in Japan underwent natural selection to adapt to the colder climate during the distribution expansion to Japan. To test this hypothesis, we analyzed whole-genome sequences of 50 individual flies each from natural populations of Taiwan and Japan and conducted various statistical tests to compare the populations. The results suggest that the Japan population has recently diverged from the Taiwan population, although possible candidate regions of selection are still under investigation.

P - 74 (学)

Buchnerは正しかった！カツオゾウムシ類の共生細菌の再発見

○水野陽太 1,2、森山実 2、深津武馬 1, 2
1：東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、2：国立研究開発法人産業技術総合研究所

多くのゾウムシは、消化管に付随する特殊な細胞の中に共生細菌を保持し、経卵感染によって次世代に伝達する細胞内共生系をもつ。一方、カツオゾウムシ亜科のゾウムシは、細胞外に共生細菌を保持するらしいことが20世紀前半の光学顕微鏡観察により報告されたが、その後の研究は皆無であった。本研究では4種の日本産カツオゾウムシ類について、共生細菌の探索を行った。その結果、幼虫では中腸前端の突出した構造の内腔に共生細菌の局在を検出した。メス成虫では総排出口付近に繋がる袋状構造の内腔に共生細菌が局在しており、産卵時に乳白色の粘液とともに卵に塗布され、孵化幼虫がその粘液を摂食することで共生細菌が次世代に伝達される様子が観察された。興味深いことに、16S rRNA 遺伝子配列に基づく系統解析により、カツオゾウムシ類の共生細菌は種ごとに多様であること、また今まで報告されたとのゾウムシの共生細菌とも異なっていることが明らかとなった。細胞内共生系をもつゾウムシ類で祖先的な共生細菌が広く保存されているのとは対照的に、細胞外共生系をもつカツオゾウムシ類では環境中の細菌との置換が度々起こってきたことが示唆された。

P - 76 (学)

マルチプルアライメント法が長枝誘引の発生に及ぼす影響の解明

○渡邊知輝1、堀池徳祐2
1岐阜大院・連農、2静岡大・農

系統樹推定において、近縁では無い2つ以上のOTUの進化速度が速い場合に、それらが誤って単一のクレードに配置される現象は長枝誘引として知られている。これまで、各系統樹推定法の長枝誘引に対する頑健性が検証されてきたが、推定に用いるアライメントデータの質が長枝誘引に与える影響は不明であった。そこで本研究では、長枝2本が最近縁でないFelsenstein型の4OTUのモデル系統樹を基に、進化シミュレーションプログラムにより配列データを生成し、代表的な複数のプログラムによりマルチプルアライメントを行った。さらに、得られた各アライメントデータを用いて系統樹を推定し、長枝が誤って最近縁となったものの推定割合を調べることで、アライメント法が長枝誘引の発生に与える影響を明らかにした。解析の結果、最節約法で系統樹を推定した場合、アライメント法に依らず長枝誘引の発生率は高いことが明らかになった。最尤法で系統樹推定した際の長枝誘引の発生率はマルチプルアライメントプログラムにより異なり、主に発生率の高いグループと低いグループの2つに分かれる傾向がみられたため、本発表で報告する。

P - 77 (学)

ヴィクトリア湖産シクリッドにおける collagen 6a6遺伝子の機能解析

○久保田和樹¹、中村遥奈¹、長澤竜樹¹、二階堂雅人¹
¹ 東京工業大学生命理工学院

東アフリカの三大湖に生息する熱帯魚シクリッドはそれぞれの湖で独立して適応放散を経験したことで知られている。中でもヴィクトリア湖のシクリッドは適応放散が起こった年代が約15000年前と比較的最近であることから、種分化のモデル生物とされているものの、その多様性獲得の遺伝的な背景について未だ不明な点が多い。近年、集団遺伝学的手法を用いた解析から、適応放散に関与した候補遺伝子が複数単離された (Nakamura et al. 2021)。本研究では、これらの適応候補遺伝子の一つである collagen 6a6遺伝子に着目し、同遺伝子が適応放散に与えた影響を考察する。まずヴィクトリア湖のシクリッドHaplochromis sauvagei を用いてRT-PCRを行ったところ、眼、心臓、胃を含む複数の器官での発現が確認された。さらに蛍光in situハイブリダイゼーションを行い、線維芽細胞における発現局在を確認した。これらの発現解析に加え、本発表ではシクリッドの適応候補遺伝子には湖を越えたアリの多様性があること、400種以上の全ゲノム配列が公開されていることに着目し、これらのアリ多様性がシクリッドの適応放散に際して、どのように分配されていたのかを分子系統解析などから議論したい。

P - 79 (学)

東京大学柏キャンパス内の井水に生息する多様なCPRの宿主を予測する

○中川 祐奈¹、西村 祐貴¹、大前 公保¹、富永 賢人¹、増田 幸子²、柴田 ありさ²、白須 賢²、岩崎 渉¹
¹ 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
² 理化学研究所環境資源科学研究センター

地下水圏に優占する未培養細菌群Candidate Phyla Radiation(CPR)は、生命進化の初期に他の細菌と分岐しており、生命全体の系統樹における未知の大規模系統群として注目されている。CPRは細菌の多様性全体の15%以上を占めるほど系統学的には多様でありながら、その全体が共生細菌に似たゲノムの特徴を保持している。実際に、一部のCPR系統では宿主に共生している例が報告されている。しかし、ほとんどのCPR系統は宿主が不明であり、どのような生態的特徴を持つのか、宿主との共進化関係がどのように成立し維持されてきたのか、そもそも本当に宿主と共生しているのかなどは明らかになっていない。我々は東京大学柏キャンパス内の井水のメタゲノム解析を行い、約400種の細菌のメタゲノムアセンブリゲノム(MAG)を再構築することで、その半数をCPRが占めることを明らかにした。これらのMAGは、これまで研究が進んでいないCPR系統を含む10綱28目を含み、その全てが限られた代謝機能を持っていると推測された。本研究発表では、これらのMAGデータを用いて上記の疑問について多角的に解析した結果について報告する。

P - 78 (学)

ジェネラリスト微生物進化の環境解析とその経済学的考察

○伊東眞琴²、岩崎 渉^{1,2}
¹ 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
² 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻

経済学と生物学は、特定の環境に特化するスペシャリスト・幅広い環境に対応するジェネラリストという概念を共有している。微生物に着目した先行研究は、両者の進化メカニズムを明らかにしたが、どのような環境でジェネラリストが進化したのかという環境的背景は明らかにしていない。本研究では、16S rRNA遺伝子配列と生息環境とを紐づけたデータベースProkAtlasを用いて、約2万種の微生物の生息地選好を調べた。この生息地選好と系統情報から、祖先状態を推定するPastMLを用いて祖先種の生息地選好を推定し、ジェネラリストの環境進出パターンを抽出した。現在、この環境進出パターンに法則性があるかという観点から解析を行なっている。このようなジェネラリストの生起と移動については、経済学分野で、特定の国がジェネラリスト育成を請け負い、他国と労働力をやり取りすることで、効率的に財を生産する例が知られる。同様に、特定の環境がジェネラリスト微生物を育成し、環境間でやり取りすることで、現在の微生物生態系が成立したのではないだろうか。このようにして結果と経済理論とを重ね合わせ、ジェネラリスト進化の環境的背景を議論する。

P - 80 (学)

単孔類ハリモグラのゲノムにみられるレトロウイルスの活発な内在化

○北尾晃一¹、早川卓志²、宮沢孝幸¹、中川草³
¹ 京都大学 医生物学研究所、² 北海道大学 地球環境科学研究院、³ 東海大学 医学部

生殖細胞に感染し、宿主ゲノムに組み込まれたレトロウイルスは内在性レトロウイルス (ERV) と呼ばれる。ERVはゲノムに残された""ウイルス化石""であり、太古のレトロウイルスの感染史や性質を明らかにするのに有用である。我々は単孔類のカモノハシとハリモグラの高精度ゲノムにおいてERVの比較ゲノム解析を行った。各ゲノム配列から400アミノ酸以上のORFを保存するERVのエンベロープ (env) 遺伝子に類似する配列を探索した。結果、カモノハシでは2つのenvしか見つからなかった一方で、ハリモグラでは121ものenv が同定された。系統解析によりハリモグラのenvは7つのグループに分類された。このうち、env-Tac1と分類したハリモグラのenvは鳥類の細網内皮症ウイルス (REV) のenvに類似しており、コウモリのERVにも類似のenvがあった。env-Tac1周辺にはenv以外のウイルス遺伝子が残存し、ハリモグラ系統で比較的近年に内在化したと推測された。本研究により、ハリモグラのERVがダイナミックに変化しており、真獣類、鳥類と単孔類をまたがるウイルス感染史の解明に重要であることが示唆された。

P - 81 (学)

ヒト進化を駆動したヒト特異的重複遺伝子の網羅的探索

○中野陽介1、鈴木郁夫1,2、榎本和生1,3,4

1 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻 2 AMED-PRIME 3 東京大学ニューロインテリジェンス国際研究機構 4 AMED-CREST

遺伝子重複は生物進化の主要な駆動力であり、主に2つのメカニズムに起因する。1つは、非同相組換えにより1つまたは複数の遺伝子を含む染色体領域が重複するもの（SD型）、もう1つはスプライシングを受けイントロンを失ったmRNAが逆転写を経てゲノムに再挿入されたもの（プロセス型）である。近年、大脳皮質進化に寄与するヒト特異的SD型重複遺伝子が複数報告され始めているものの、2つのタイプの重複遺伝子を全ゲノムスケールで網羅的に探索し、ヒトの表現形進化に貢献する可能性を検証した例はない。

そこで本研究では、ヒト全遺伝子についての類似配列を全ゲノムスケールで探索することにより重複遺伝子を網羅的にリスト化し、ヒトと類人猿の間でコピー数を比較した。

その結果、類人猿では重複性がないヒト特異的重複遺伝子候補をSD型483箇所、プロセス型771箇所同定した。さらに、これまで偽遺伝子と考えられていたプロセス型遺伝子の一部が、ヒト胎児の大脳皮質において転写されていることを確認した。

今後はこれらの重複遺伝子候補について転写・翻訳活性の有無を網羅的に検証し、脳を含めた複数の器官形成においてヒト特異的に機能する未知遺伝子を探索する予定である。

P - 83 (学)

ニワトリの家畜化に関わる遺伝基盤の探索

○山田 洋平1、山崎 のぞみ2、松本 悠貴3、大矢 康成4、東浦 裕紀2、野崎 のこ2、後藤 達彦5、都築 政起6、新村 毅1

1 東京農工大・農、2 東京農工大・院農、3 アニコム先進医療研究所株式会社・麻布大、4 三重畜試、5 帯広畜産大、6 広島大・生物生産

現代のニワトリは、野鶏から数千年の時を経て家畜化されたとされている。しかし、極端に攻撃的だった野鶏が、どのような過程を辿って家畜化されたのかは不明のままである。本研究では、まず2種の野鶏、日本鶏および商業品種の全ゲノム情報を用いた分子系統解析から、現代の日本鶏は赤色野鶏から家畜化されたとする単元説を支持する結果を得た。続いて、極端な攻撃性を支配している遺伝基盤を明らかにするため、闘鶏用の攻撃性の高い品種と地鶏生産用の攻撃性の低い品種を用いたQTL解析、全ゲノム情報を用いた集団ゲノム解析、トランスクリプトーム解析を実施した。その結果、闘鶏用2品種および地鶏生産用2品種の大脳のRNA-seqにより、いずれの比較解析においても、トリプトファンからセロトニンを合成するアイソザイムであるTPH1の発現が闘鶏用品種において増加することが明らかとなった。また、脳内にセロトニンが過剰に分泌されると、過剰で病的な攻撃性を示すことが報告されている。したがって、野鶏や闘鶏用品種の極端に高い攻撃性は脳内セロトニンの支配を受けており、家畜化の過程でセロトニン代謝が抑制された結果、攻撃性が消失したことが示唆された。

P - 82 (学)

Hox遺伝子Labialの新機能 -カメムシ腸内共生細菌の消化・吸収制御-

○大石紗友美1,2、森山実2、水谷雅希2、深津武馬1,2

1 東京大学・院理・生物科学、2 産総研・生物プロセス

チャバネアオカメムシは、消化管の後方に発達する特殊な器官に生存に必須な共生細菌を保持する。カメムシは共生細菌から自身の生存に必要な栄養を得ると考えられているが、栄養獲得の具体的なメカニズムは不明であった。本研究では、消化酵素類が高発現しており、共生細菌の消化吸収に関わることが示唆されてきた、共生器官直前に位置する袋状の構造（M4b）に注目して、詳細な遺伝子発現解析をおこなった。その結果、これまで他の昆虫において、胚発生過程における形態形成に加え、消化器官の銅吸収や酸性化に関与することが報告されているHox遺伝子LabialのM4b特異的発現を見出した。RNAi法によりLabial遺伝子の発現を抑制したところ、M4bは多量の未消化共生細菌で満たされて膨大し、成長の遅延や羽化率の低下が見られた。さらに、RNAi個体の遺伝子発現解析より、タンパク質分解や核酸分解に関わる酵素群がLabialの制御下にあることが判明した。これらの結果から、M4b特異的に発現するHox遺伝子Labialが、共生細菌を消化・吸収に関わる新規機能を獲得することで、カメムシの成長を支えていることが示唆された。

P - 84 (学)

遺伝的変異と非遺伝的変異の多様化パターンの類似性：形態データとトランスクリプトームデータを用いた検証

○斉藤京太（千葉大・院・融）、坪井助仁（ルンド大・理）、高橋佑磨（千葉大・院・理）

表現型の多様性を成立させる機構の解明には、「選択」だけでなく、「制約」の理解が不可欠である。表現型の多様性を制約する機構の一つに、形質間の相関がある。例えば、形質間の相関は、形質空間内で遺伝的変異のばらつきをある一定の範囲内に制限し、進化の生じやすい方向性を限定することで集団間や種間での表現型のばらつき方の決定に作用することが知られている。一方で、表現型の変異には階層性があり、個体間や種間での遺伝的変異だけではなく、発生ゆらぎや表現型可塑性といった非遺伝的なばらつきも存在する。それぞれの階層において形質間の相関が表現型変異のパターンを決定している可能性があるが、階層間の関係は明らかになっておらず、表現型変異のパターンが進化に与える影響や進化における階層間の相互作用の全容はわかっていない。本研究では、ショウジョウバエ昆虫を用いて、翅上の12の標識点を形質と見立てた解析と、トランスクリプトームデータに基づく各遺伝子をつきの形質と見立てた解析により、多次元の表現型空間内における各階層の表現型変異のパターンを評価した。これら両方の解析結果をもとに、階層間で共通する進化・多様化について議論する。

P - 85 (学)

交雑を伴う多様化は繰り返す：陸産貝類の事例

○石井康人1・伊藤舜2・亀田勇一3・千葉聡2,4・平野尚浩2,4
1東北大学 理学部 生物学科, 2東北大学 東北アジア研究センター, 3国立科学博物館 人類研究部, 4東北大学 生命科学研究所

交雑を伴う多様化は繰り返す：陸産貝類の事例

動物において交雑を伴う多様化は一般的なのだろうか？これまで交雑を伴う多様化は植物ではよくある現象であるとされてきた一方で、動物では限定的とされてきた。しかしながら近年、動物においても交雑の痕跡が次々と発見され、その一般性に注目が集まっている。その一般性を議論するひとつの方法は動物において交雑を伴う多様化が繰り返し起きたのかを明らかにすることである。

そこで、本研究では陸産貝類のミスジマイマイ種群に注目した。分布域を網羅するように採集し、ゲノムワイドSNPsを用いて系統解析および集団遺伝学的解析を行った。その結果、ミスジマイマイ種群では交雑を伴う多様化が繰り返されたこと、および近過去に始まった交雑も存在することが明らかになった。

P - 87 (学)

擬細胞内RNA実験進化で自発的に生じた遺伝情報と機能の分離

○寺田 海舟1、荏原 基力1、井川 善也1,2、松村 茂祥1,2
1富山大・院理工、2富山大・院生命融合

RNAワールド仮説では、生命は遺伝情報と機能を併せもつRNAの自己複製システムとして始まり、情報担体はDNAへ、機能は主にタンパク質へと分業化されていったと考えられている。しかし、情報と機能が進化のどの段階でどのように分離していったのか、という問題は未解決である。我々は、細胞が生命の起源・進化において果たした役割に関心を持ち、リボザイムを細胞様の区画内で進化させる実験を行った。その結果、リボザイム以外の機能性RNAが想定外に進化してきた。そのRNA配列をコードするDNAを調べると、2つのプロモーターを有し、2種のRNAを生み出していることが判明した。一方のRNAは反応系内で複製されるが選別の指標となる機能をもたず、もう一方のRNAは機能をもつが複製されないことが明らかとなった。すなわち、前者は情報の保存、後者は機能の発現のみを担う役割分担が生じており、これはまさに情報と機能が自発的に分離した結果と捉えることができる。現在、なぜこの現象が生じたのか、この配列種がどのような過程で進化してきたのかについて解析している。本会では、これまでに得られた結果と今後の方向性について、議論したい。

P - 86 (学)

魚類の鰭における化学感覚受容体遺伝子の発現探索

○西浦賀乃子、長澤竜樹、二階堂雅人
東京工業大学 生命理工学院

我々は、嗅上皮に分布する受容体で嗅覚物質を、口腔組織の味蕾に分布する受容体で味覚物質を受容する。一方魚類は、体表に分布する味蕾やSCC（孤立性化学感覚細胞）でも化学物質を受容することが示されている。しかし、これらの化学感覚にどのような化学感覚受容体が関与しているのかは明らかにされていない。本研究では、魚類の鰭、皮膚、鰓などの器官においてRNA-seq解析による化学感覚受容体遺伝子の発現探索と、条鰭類で最も初期に分岐したポリプテルス(*Polypterus senegalus*)の鰭において免疫染色による味蕾やSCCの探索を行った。その結果、一部の魚類の鰭においてⅠ/Ⅱ型鋤鼻受容体をはじめとする化学感覚受容体遺伝子やその関連遺伝子の発現、およびポリプテルスの胸鰭、腹鰭、背鰭においてSCCが分布している可能性が示された。また、ポリプテルスのもつ哺乳類型鋤鼻受容体の1つが、多くの組織に普遍的に発現することを示唆する結果を得たので報告する。

P - 88 (学)

Bac2Feature：系統情報を利用した微生物の形質推定パイプライン

○藤吉 真生1、鈴木 誉保1、松井 求1、岩崎 渉1
1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

形質の進化は、微生物の進化を理解する上で重要である。環境中の微生物群集の形質組成を調べることで、細胞の形態や至適温度、運動性といった形質が、微生物の環境への適応にどのように寄与しているかについての手掛かりが得られる。しかし、そのためには16S rRNAアンプリコン解析で得られた配列情報から、微生物の形質を推定する必要があり、その技術的基盤はいまだ整備されていない。本研究では、13,490種の微生物の16S rRNA遺伝子の分子系統樹と形質の情報をを用いて、形質の系統的保存度を調べ、系統情報から形質を推定したときの精度を解析することを目的とした。その結果、微生物において、細胞長や至適pHと比較して、ゲノム長やGC含量、至適温度などは系統的に保存されやすいことがわかった。次に、16S rRNA遺伝子配列から系統樹の形質に基づいて微生物の形質を推定するパイプライン「Bac2Feature」を開発した。Bac2Featureでは、16S rRNA配列をphylogenetic placementしたのちに、祖先状態推定を行うことで、微生物の形質を推定する。既知の微生物の形質について、Bac2Featureは平均83.5%の精度で予測することができた。さらにこのパイプラインを用いて、ヒト腸内細菌叢の形質を調べている。それらの形質と疾患との関連についても議論したい。

P - 89 (学)

アカショウジョウバエにおける生殖細胞とその発生に対する低温の効果

○田村珠雲1、井手翼1、田村浩一郎1,2

1都立大・院理・生命科学、2都立大・生命情報センター

外温生物において温度は生殖能力に影響すると言われている。アカショウジョウバエは元来、東南アジアの熱帯に生息していたが、1980年代に日本、中国の温帯に分布を拡大させた。この分布拡大は低温耐性の向上によること、低温耐性には低温順化が重要であることがわかっている。そこで、日本のアカショウジョウバエ集団が由来した台湾の集団を元に実験集団を構築し、低温による人為選択を60世代に渡って行い、集団レベルの低温耐性の向上を確認した。また、人為選択のための低温処理では、生き残った成虫から生まれる次世代の成虫の減少も確認された。そこで本研究では、低温選択が成虫のみならず生殖細胞やその発生に与えた効果を明らかにするため、61世代目の人為選択集団およびそこから確立した単一雌系統を用い、低温処理後の成虫の産卵数、孵化率、成虫になった個体数を測定し、人為選択前の台湾由来の系統と比較した。その結果、低温処理の影響は産卵から成虫になるまでの致死や発生の遅延を生じさせるが、人為選択や低温順化は、それらの影響を緩和することが示唆された。

P - 91 (学)

ホストレース間における寄主植物に依存しない同系交配

○高野翔子1、大島一正2

1京都府大・院生命環境、2京都府大・院生命環境、京都府大・新自然史科学創生センター、京都府立植物園

植食性昆虫には、進化の過程で新たな寄主に進出する寄主転換が生じた結果、寄主が異なる種内集団が分化している例が頻繁に見られる。また植食性昆虫は、寄主植物上で交配する傾向があるため、寄主植物の違いが寄主を異にする集団間での交雑頻度を低下させている。では、このような寄主植物に依存した隔離障壁が継続した結果、寄主植物に依存しないでも同じ集団どうしの方が高頻度で交配する仕組みは進化しているのだろうか。本研究で用いる鱗翅目ホソガ科昆虫のクルマミソガには、クルマミ科を寄主とするクルマレースとツツジ科のネジキを寄主とするネジキレースが知られている。レース間F1雑種の発生に問題はないが、F1幼虫はネジキを摂食すると死亡するため、メス親がクルマレースの場合のみ、F1世代は成虫まで成育できる。つまり、同じメス個体でも、ネジキレースの方がより厳密に交配相手を選ぶ必要がある。そこでメス1頭オス2頭（各レースのオス1頭ずつ）の組み合わせで選択交配実験を行ったところ、メスがいずれのレースでも同系交配が生じる傾向が見られた。一方、メス2頭（各レースのメス1頭ずつ）とオス1頭の組み合わせでは同系交配の傾向は見られなかった。

P - 90 (学)

Evolution of gene expression for cold acclimation in *Drosophila albomicans*

○Shikha Singh1, Tomohiko Kimura1, Masafumi

Nozawa1,2, Koichiro Tamura1,2

1Dept. Biol. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., 2RCGB, Tokyo Metropolitan Univ.

Cold tolerance is a key determinant of temperature adaptation in small ectotherms like *Drosophila*. A fruit fly species, *Drosophila albomicans*, is of tropical origin but currently has a wide geographic distribution to the Asian temperate regions and shows higher cold tolerance than its closely related species belonging to the *Drosophila nasuta* subgroup. It is plausible that the cold tolerance was improved during the distribution expansion. The previous study suggested that cold acclimation was responsible for this improved cold tolerance. Therefore, changes in gene expression likely improve the cold tolerance as the cold acclimation response. In this study, we conducted high-throughput mRNA sequencing (RNA-seq) to find the causative genes of cold tolerance. We examined the differentially expressed genes (DEGs) via cold acclimation for five strains from China, Taiwan, and Japan that showed high cold tolerance. As a result, we found a tendency that the DEGs are shared by multiple strains, although there was no DEG shared by all five strains. We further analyzed the gene ontology of the shared DEGs and found that these ontology terms are associated with microtubule and extracellular, ion transporters, membrane, metabolic processes, and binding activities. We speculated that these characteristics might help maintain membrane fluidity at low temperatures.

P - 92 (学)

新奇性追求の遺伝基盤とその進化的意義の解明に向けた取り組み

○木村文昭3、笠原麗美1、太田博樹2、小川元之1,3、竹内秀明4、勝村啓史1,3

1北里大学医学部、2東京大学大学院理学系研究科、3北里大学大学院医療系研究科、4東北大学大学院生命科学研究科

気質の多様性が、環境適応や生息域拡大にどのように影響を与えたのかはあまり明らかでない。私たちはメダカ (*Oryzias latipes*) を用いて、新奇性追求の遺伝基盤と進化的意義の解明を目指している。本研究では新奇刺激への接近度と遺伝子発現量が相関したアポリポタンパクE (ApoE) と新奇性追求との関連を調べるため、ノックアウト (KO) メダカを作成し、迷路型及び開放型水路を用いて嫌悪刺激の感受性と新奇刺激への接近度を測定した。また、地域集団間で見られる新奇性追求の違いを定量するために、地域集団・田辺、有田、玖珠、樋脇、梅谷を用いて新奇刺激への接近度を比較した。ApoE KOメダカは野生型と比べ新奇刺激への接近度に有意な違いを示さなかったものの、野生型よりも嫌悪刺激が届かないエリアにいた時間が有意に長かった。また、地域集団間比較では玖珠の新奇刺激への接近度が有意に高いことが見出された。以上から、ApoEが新奇性追求に関わるかは不明なままだが、嫌悪刺激への感受性に関与する可能性が示された。そして地域集団間比較より、新奇性追求の遺伝基盤が存在している可能性が示された。

P - 93 (学)

Transcriptomic comparative analysis of queen bees during lifestyle transition

○Yuhang Jia (1), Takashi Makino(1)

1 Graduate School of Life Sciences, Tohoku University

The evolution of sociality is thought to be an important event in evolutionary biology. Social insects are important materials to study the evolution of sociality. Hymenoptera (ants, bees, and wasps) is a well-known taxon, that contains different species with distinct behavioral and genetic phenotypes in the distinct levels of sociality. Bumblebee, a type of primitive social insect, which the queen shows distinct behaviors in different stages, transits from solitary to social lifestyle. In corbiculated bees, this pattern shows several times, from orchid bees to bumblebees (Cardinal et al 2011). Previous studies focus on the transcriptomic profiles of certain species during the lifestyle transition, but there are no studies comparing bee species with distinct lifestyles. More comparative genomics studies have not been performed yet. Here, using transcriptomic data of distinct species with different stages, we investigated genes evolving lifestyle transition and conserved genes across species with similar lifestyles.

P - 94

画像解析と数理モデルによる造礁サンゴのコロニー形成の研究

○鎌本直也1、藤本仰一1

1大阪大学 理学研究科 生物科学専攻

造礁サンゴでは多数のクローン個体とその足場を石灰化してコロニーを形成する。先行研究からテーブル状のコロニーをつくるスリパチサンゴ属は個体の横断面が張る平面上で極性を持ち、その極性方向から $\pm 60^\circ$ 度に出芽を行うことが報告されている。さらにこの極性が出芽毎に回転することが示唆されている。一方でこれらの出芽のルールがどのようにテーブル状の形状に効いているのかは分かっていない。本研究ではまずマイクロCTスキャンによるテーブル部の観察を行った。観察の結果、テーブル部では極性方向の回転なしに極性に沿った出芽を行うことが分かった。そこで個体数密度が小さい場合は極性とその回転による出芽がコロニーを形作り、個体数密度が大きい場合には周囲の個体の混み合いが出芽方向を修正すると考えた。この仮説を検証するため、個体を3次元曲線で表し、出芽の極性、周囲の個体によるその修正を取り入れた計算機モデルを構築した。数値計算の結果、極性方向の回転により球状ではなく逆円錐状のコロニー形成が促進されることが分かった。今後はさらにテーブル化についての仮説を検証していきたい。

P - 95

脊椎動物のDNAバーコーディングに適した核DNA領域の探索

○矢野大智1、橋口康之2、熊澤慶伯1

1名古屋市立大学、2大阪医薬大学・医

DNAバーコーディングは、DNA塩基配列を用いて生物の種同定を促進する技術である。動物のDNAバーコード領域としては、ミトコンドリアDNAのcox1遺伝子の一部（約650bp）が広く使われている。しかし、近縁種間での交雑によるミトコンドリアDNAの遺伝子浸透などが起きる事例も知られており、核DNA領域を用いたDNAバーコーディング法の開発が併せて求められている。本研究では、様々な脊椎動物種の核ゲノムにコードされるタンパク質遺伝子（1種当たり約2万）のアミノ配列を公共データベースから取得し、OrthoFinderによるシングルコピー orthogroupの同定、エクソン・イントロンの分布状態における種間比較、近縁種間における平均DNA距離の算出等を行うことで、DNAバーコーディングに適した核遺伝子の探索を行った。羊膜類77種、両生類1、魚類1種のゲノムデータを用いて、様々な脊椎動物分類群を超えて700bp以上のエクソン領域が共通に保存されている遺伝子を選別し、平均DNA距離の大きい順にランク付けを行った。現在、これらの候補遺伝子を用いて、実際にDNAバーコーディングを行えるかについて、さらに検証を進めている。

S1 - 1

原がん遺伝子はウイルスゲノム複製を制御する～ポリオーマ(Py)ウイルスを中心に～

神崎秀嗣

秀明大学看護学部

真核生物の染色体複製のメカニズムが不明な当時、SV40、BPV、Pyなど真核生物を宿主とするウイルスの複製が注目された(1)。ウイルスゲノムと一部のウイルス由来のタンパク質以外は宿主の複製装置を用いると考えられるからであった。演者らの研究グループは、1.AP1, Rel, p53やRunxがPyゲノム複製を亢進する。2. c-JunはPyがコードするがん遺伝子でヘリカーゼ活性を有する大型T抗原をその複製開始点にリクルートし、複製を亢進する。3. Runxは核の裏打ちに局在し「染色体複製の場」であるNuclear Matrixに複製開始点を移動させ、その複製を亢進する(2) などの知見を得た。ここでは原がん遺伝子としての転写因子の多様性を説明するとともに、ウイルスモデルで明らかになった知見を紹介する(1)。

1. **Kohzaki, H***, and Murakami, Y. Transcription factors and DNA replication origin selection. *BioEssays*. 27. 1107-1116, 2005. (* corresponding author)
2. Murakami, Y, Chen, L.F., Sanechika, M., **Kohzaki, H** and Ito, Y. Transcription factor Runx1 recruits the polyomavirus replication origin to replication factories. *Journal of Cellular Biochemistry* 100, 1313-1323, 2007.

S1 - 3

出芽酵母のDNA複製開始のエピジェネティックな制御

神崎秀嗣

秀明大学看護学部

真核生物の中で初めて複製開始点が明らかとなった出芽酵母を用いて、演者らは原がん遺伝子産物である転写因子の、染色体複製の調節のメカニズムについて明らかにしてきた。哺乳類動物の転写調節因子の転写領域をGal4 DNA結合ドメインやLexAに連結させたキメラタンパク質を発現させたところ、c-JunやRunxが哺乳類細胞株で複製開始を活性化するドメインは出芽酵母の染色体複製を調節することを以前示した(1)。さらにそのメカニズムの解析を進めたところ、アセチル化酵素を転写調節因子が呼び込むことによって、複製開始点付近の構造を変えていることが明らかとなった。ショウジョウバエでも同様な知見は得ており、種を越えたメカニズムのように思われた(2)。なお本研究は一部科研費(20K09996、21H03113)のサポートを得ている。

1. **Kohzaki, H**, Ito, Y. and Murakami, Y. Context-dependent modulation of the replication activity of *Saccharomyces cerevisiae* autonomously replicating sequences by transcription factors. *Mol. Cell. Biol.* 19(11), 7428-7435, 1999.
2. **Kohzaki, H***, Asano, M., Murakami, Y. and Mazo, A. Epigenetic regulation affects gene amplification in *Drosophila* development, *Frontiers in Bioscience*, "Genome and development", Landmark 25, 632-645, 2020. (* corresponding author)

S1 - 2

原がん遺伝子のショウジョウバエでの役割

神崎秀嗣

秀明大学看護学部

ショウジョウバエはヒトとほぼ同じ遺伝子を有している。Myc, Runx, p53, Rb, E2Fなどのショウジョウバエホモログが存在する。そこで1. これらの原がん遺伝子のショウジョウバエでの役割 2. 真核生物において発がん過程で見出される遺伝子増幅のショウジョウバエでの発生における役割(1-3)、3. 染色体複製での転写調節因子を介したエピジェネティックな制御(4)について報告する。

1. **Kohzaki, H***, Asano, M. and Murakami, Y. DNA replication machinery is required for development in *Drosophila*. *Frontiers in Bioscience*, the special edition "Genome and development", Landmark, 23, 493-505, 2018. (* corresponding author)
2. **Kohzaki, H***, and Murakami, Y. DNA replication machinery contributes to development of eye in *Drosophila*. *Frontiers in Bioscience*, the special edition "Genome and development", Landmark, 23, 506-511, 2018. (* corresponding author)
3. **Kohzaki, H***, The function of replication and SCF complex during *Drosophila* wing development. *Frontiers in Bioscience*, "Genome and development", Landmark, 23, 2235-2244, 2018. (* corresponding author)
4. **Kohzaki, H***, Asano, M., Murakami, Y. and Mazo, A. Epigenetic regulation affects gene amplification in *Drosophila* development, *Frontiers in Bioscience*, "Genome and development", Landmark 25, 632-645, 2020. (* corresponding author)

S1 - 4

「転写因子RUNXの「がん遺伝子」としての役割」

大谷昇平、伊達悠貴、伊藤公成 (長崎大学・大学院医歯薬学総合研究科)

ポリオーマウイルスエンハンサー結合タンパク質として同定されたRUNXファミリー遺伝子は、線虫、ショウジョウバエからヒトにいたるまで、進化的に保存された転写因子ファミリーである。これまでの遺伝子改変マウスを用いた解析から、RUNX1、2、3それぞれが、個体発生およびヒト疾患に広く関与することが明らかにされている。特にヒトがんに関しては、RUNX1とRUNX3の関与が報告されてきた。

骨肉腫は代表的なヒト「希少がん」で、間葉系細胞由来の悪性腫瘍である。今回演者らは、98%のヒト骨肉腫において、普遍的な「がん抑制遺伝子」p53の不活性化とRUNX3の高い発現上昇を確認した。実際、骨芽細胞特異的p53およびRunx3遺伝子欠損マウスを用いて解析したところ、p53非存在下でRunx3は強力な「がん遺伝子」Mycの異常な発現誘導をもたらすことが判明した。すなわち、Runx3はp53の不活性化とMycの活性化を連結する腫瘍促進因子であり、魅力的な抗腫瘍創薬のターゲットになりうる。現在、このRunxの新規なoncogenicityがどれほど普遍的なものか、他のがん種においても検討している。

S2 - 1

非モデル昆虫における全ゲノムシーケンスの実際

岡村悠（東京大学・マックスプランク化学生態学研究所）

近年のシーケンス技術の発達によって、非モデル生物においても、より簡便に全ゲノム情報を得られるようになってきている。特にナノポアMinIONを始めとしたロングリードシーケンサーは、現在様々なゲノムシーケンスプロジェクトに用いられている。しかしながら、非モデル生物においては実際に全ゲノムのシーケンスやアセンブリを行う中で、モデル生物にはない様々な問題に直面することがある。本発表では、主にナノポアMinIONを用いた昆虫類の全ゲノムのシーケンスとアセンブリにおいて、遭遇した問題点やロングリードデータから得られた新たな視点について紹介したい。加えて、本発表では、シロチョウ科蝶類のアブラナ目草本への食草適応について、シロチョウ約15種の全ゲノムデータを用いた種間比較の例を紹介する。具体的には、シロチョウ科蝶類における、アブラナ目草本の持つ二次代謝産物への適応遺伝子について、その重複欠損パターンと食草転換イベントの比較を行った結果を示す。特にロングリードシーケンスだからこそ見ることができる遺伝子の種内、種間における重複や欠損のパターンについて議論したい。

S2 - 3

全ゲノム解析から迫るヴィクトリア湖シクリッドの進化

○中村遥奈1、相原光人2、二階堂雅人2
1 総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター
2 東京工業大学・生命理工学院

東アフリカのヴィクトリア湖に生息する熱帯魚シクリッドは適応放散を経験し、15,000年という短期間で単一祖先から700を超える多様な種が生じた。ヴィクトリア湖シクリッドは種多様性創出基盤解明につながる生物進化のモデル生物の一つとして注目されているが、一方で、種間交雑を経験した祖先集団から急速に種分化したことがゲノム解析を複雑化させ、種系統関係を含めてヴィクトリア湖シクリッドの種多様化プロセスは未だ多くが明らかになっていない。我々は、ヴィクトリア湖広域分布種であり、肥大化した唇という特徴的な形質を持つシクリッドに着目し、全ゲノム情報を用いた集団遺伝解析を行ない、その適応進化過程の解明を目指している。本研究により、形態的な記載とも一致する生息場所に応じた急速な分集団形成が示唆され、また、本種に類似した形態を示す未記載種との遺伝子流動も確認された。本発表では、これらの結果について報告するとともに、ヴィクトリア湖シクリッドの急速な適応を促す遺伝的基盤についても議論する。

S2 - 2

ヒメミカヅキモにおけるコピー数変異がもたらした顕著なゲノムサイズ多型と遺伝子発現への影響

○川口也和子1、土金勇樹2、田中啓介3、太治輝昭3、豊田敦4、西山智明5、関本弘之6、土松隆志2（1千葉大学 2東京大学 3東京農業大学 4国立遺伝学研究所 5金沢大学 6日本女子大学）

陸上植物に最も近縁なホシミドロ目に属する藻類ヒメミカヅキモ (*Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex)には、種内に2倍以上の連続的なゲノムサイズ多型が存在する。本研究では、この大規模なゲノムサイズ変異の進化的起源と遺伝子発現への影響の解明を目的とした。まず、ゲノムサイズが大きく異なる6系統のde novoアセンブル配列を用いて全ゲノム比較を行なった。その結果、ゲノムサイズ変異は遺伝子重複量と相関し、その由来は種内で少なくとも4度生じた大規模な重複であることが判明した。続いて、同所的に生息し交配可能な2系統間にみられた大規模なコピー数変異に着目し、RNA-seqデータを用いて遺伝子発現量比較を行なった。その結果、多くの遺伝子において、コピー数変異よりも発現量変異が有意に小さいことが明らかになった。これらの結果から、本種内にみられるゲノムサイズ変異は遺伝子重複と欠失に起因し、系統間のコピー数変異は遺伝子量補正が機能することで淘汰されにくくなっていることが示唆された。本発表では、上記の成果を紹介するとともに、本種において頻繁に遺伝子重複が生じた要因についても議論したい。

S2 - 4

ニホンミツバチのゲノム多様性および関連する表現型形質の探索

○若宮健1、田村桃歌2、丸山真一朗2、岡田泰和1、河田雅圭2
1. 東京都立大学 理学部
2. 東北大学大学院 生命科学研究所

ニホンミツバチは、本州・九州・四国および一部の離島に生息する野生種である。本亜種の分布する日本列島には、地域ごとに温度・積雪・降水量・日照時間などが異なる多様な環境パターンが混在している。これらのことから、日本列島の自然環境が本種の独自の適応進化を駆動している可能性が考えられる。これまでに本研究では、日本全域から採集された計105個体の全ゲノムのリシーケンス解析を実施した。集団の遺伝構造の評価では、日本列島内の集団は北部（東北・関東・中部地方）、中間（中国地方）、南部（九州地方）の3つの集団に遺伝的に区別が可能なことが推定された。次に、地域特異的な分化（PBS）および環境変数との相関（LFMM）を指標とし、地域適応との関連が予想される候補遺伝子を探索した。結果、概日リズムやエネルギー代謝のほか、免疫・神経・骨格系などと関連する候補遺伝子が検出された。以上より、ニホンミツバチの遺伝構造には地域性が存在し、各環境に応じたゲノム多様性が維持されていることが示唆された。本発表では、さらに、地域性のあるゲノム領域と表現型形質の関係を検証するための行動トラッキング・体温モニタリング実験について紹介する。

S3 - 1

失われた生態システムの全体像をもとめて

○米澤隆弘（東京農業大学 農学部）・瀬川高弘（山梨大学 総合分析実験センター）・森宙史（国立遺伝学研究所 情報研究系）

現生種や現生集団の遺伝情報のみからでは、生物進化の全貌を知することは極めて困難である。失われた生態システムを俯瞰するためには絶滅種や絶滅集団の遺伝情報を直に読みとく必要がある。このような目的意識から私たちは、絶滅動物からDNAを解析する古代DNAレスキュー班を立ち上げた。最初の成果として、マダガスカル島に生息していた史上最大の絶滅鳥類エポオルニス類の半化石からDNAを解析し、走鳥類の起源と進化史を明らかにした。その後、私たちは日本列島の哺乳動物相の形成史に焦点を充てた。日本列島は世界的な生物多様性のホットスポットであり、かつ島嶼性隔離のため進化的固有性も高いが、現在の本州以南の哺乳動物相は大型捕食動物の不在という特異性を持つ。これは後期更新世から近代までに大型捕食動物が選択的に絶滅したためである。そこで私たちは博物館剥製標本のニホンカワウソにはじまり、後期更新世の本州産の巨大ヒグマや巨大オオカミの進化的位置づけを初めて明らかにした。日本列島は温暖湿潤かつ火山性酸性土壌のため更新世の化石DNAの解析は非常に困難であったが、発表者らの研究チームはウエットとドライの研究者がそれぞれの専門分野を集結させることで、国内最古の更新世の古代DNA分析に成功した。現生種の解析のみからでは見えてこなかった日本列島の哺乳動物相の形成史が徐々に明らかになってきた。これまで発表者らの研究チームが取り組んできた研究例や課題を、分子進化の側面から紹介したい。

S3 - 2

更新世絶滅動物サンプルからの高品質なDNAサンプルの取得

瀬川高弘（山梨大学 総合分析実験センター）

遺伝的多様性の変動を理解するためには、現在まで生き残っている系統のみならず絶滅した系統まで含めて包括的に分析する必要がある。しかしながら生物遺体中のDNAは死後速やかに分解するため、そのような包括的な分析は技術的に難しい。絶滅生物をはじめ過去に生息した生物からのDNA解析は古代DNA解析と呼ばれ、世界各地の研究者がこの分野の研究に参加しつつある。古代DNAは遺跡などから出土した古い時代の動物や古人骨や、永久凍土や氷試料、堆積物などの環境サンプルから得ることができ、過去の推定に非常に重要な情報を提供する。発表者らの研究チームはこれまで、日本列島の更新世のヒグマやオオカミなどの絶滅動物やアイスコア試料などの古代試料からのDNA解析をおこない、生物の系統のみならず、分子進化メカニズムや分岐年代の推定も可能になった。これまで発表者らのチームが取り組んできた研究例を、特にウエットな実験面にフォーカスして紹介したい。

S3 - 3

更新世絶滅動物のDNA配列データからのターゲット由来配列の情報学的な抽出とSNP解析

森宙史（国立遺伝学研究所 情報研究系）

古い生物の遺骸からDNAを抽出して解析するancient DNA解析（以下、古代DNA解析）は、既に絶滅した系統のDNA配列情報を得て解析可能な強力な解析手法である。しかしながら、生物の死後にDNAは他の生物の作用や加水分解等の環境要因によってほとんどが分解され、運良く残ったわずかなDNAにも塩基置換等のダメージが入る。環境微生物由来のDNAの中にわずかに存在する古代DNAをまとめてシーケンスした後、塩基配列データを解析する際には、古代DNA解析特有の様々な工夫が必要になる。発表者は微生物群集のメタゲノム解析を得意とするが、メタゲノム解析で用いられる情報解析手法の一部は古代DNA解析にも応用可能である。本発表では、日本列島の更新世のヒグマやオオカミなどの絶滅動物からの古代DNA解析の際にどのような情報解析が必要か、特に少ないターゲット由来の配列をどのように解析に活かせば良いのか等について議論したい。

S3 - 4

更新世絶滅動物のDNA配列データを用いた分子系統解析と集団遺伝学解析

米澤隆弘（東京農業大学 農学部）

絶滅生物のDNAは、過去に起きた進化的イベントを解明するうえで非常に有益な情報をもたらす。その一方で現代サンプルからのコンタミネーションやシーケンスエラーはデータから正しい情報を引き出すうえで大きな障壁となる。そこで本発表では、まず古代試料から得られた配列データが真に古代試料に由来するものか否かを分子進化的アプローチによるモデル選択の枠組みで評価する手法を紹介する。発表者らの研究チームはこの手法によりアイスコア由来のシアノバクテリアの配列を用いてシアノバクテリアの突然変異率や集団動態史を推定することに成功した。次いで古代試料由来の配列が得られた場合でもシーケンスエラーが深刻な場合、データのもつ情報がノイズにより埋もれてしまう場合がある。シーケンスエラーの影響を完全に排除することは極めて難しいが、その影響をできるだけ最小限にとどめるために発表者らのチームが取り組んできた研究例を、高次分類群間の分子進化というケースと種内変異を対象とした集団遺伝学というケースから紹介したい。

S4 - 1

低雑音環境が非線形進化を生み出すー生命の複雑進化とヒトの音素共有ー

得丸久文(独立研究者)

生命の進化は大量絶滅後に突如おきる。大量絶滅期に突然変異した生命体は、その後の環境の復元に伴い、低雑音環境がもたらすS/N利得（およそ80dB）を利用して高度で複雑な情報処理を行い、驚異的な進化をとげるのである。こうして真核生物の核、脊椎動物の脳室、胎生哺乳類の子宮ができ、それぞれ細胞内共生、感覚運動器官統合、群れの生活という具合に進化していった。ヒトの音素共有は、今から7万2千年前のトバ火山灰の冬の時期に、クリック子音とともに始まった。アフリカ大陸南部の巨大砂岩洞窟という低雑音環境で、音素セットの共有が始まり、言語と知能のデジタル進化が始まった。

S4 - 2

ダーウィン理論の誤り訂正

島泰三（日本アイアイファンド）

ダーウィンの個別論文はどれも室内や自宅のまわりで行ったもので、ビーグル号の五年間は船に乗っていた時間にすぎない。生物学は対象生物種の自然環境の中で実施された一定の完結性をもつ研究データに基礎を置くべきだが、ダーウィンにはその素養がない。このために、ダーウィンは栽培下の条件と自然条件を同一視する根本的誤りのもとで理論構築を行っている。

S5 - 1

Accurate, efficient, and green computing in Big Data Phylogenetics

Sudhir Kumar
Institute for Genomics and Evolutionary

Molecular evolutionary analyses require computationally intensive steps such as selecting optimal substitution models, inferring evolutionary trees, testing phylogenies by bootstrap analysis, and estimating divergence times. With the rise of large genomic data sets, phylogenomics is imposing a big carbon footprint on the environment with consequences for the planet's health. Fortunately, innovative methods and heuristics are available to shrink the carbon footprint, presenting researchers with opportunities to lower environmental costs and enable greener evolutionary computing. I will highlight some conceptual and technical advances that organically reduce phylogenomics' computational time and memory requirements. I suggest that researchers choose methods, algorithms, and software practices that demand fewer compute cycles and less computer memory. These choices will diminish the carbon footprint of computational molecular evolution and be aligned with ecologically sound bioinformatic practices. These and future developments of resource-thrifty and accurate methods will amplify the impact of general strategies for greener computing. Green computing will also enable greater scientific rigor and encourage broader participation in big data analytics.

S5 - 2

External Edge Elimination (3E) method for phylogeny construction

○SAITOU Naruya and Kirill KRYUKOV
National Institute of Genetics

Saitou (2018, "Introduction to Evolutionary Genomics Second Edition", Springer) proposed External Edge Elimination method (3E). The 3E method requires pairwise evolutionary distances. We arbitrarily pick up one OTU x , and choose L ($\ll$ total number of OTUs) smallest OTUs among $D(i, x)$'s ($1 \leq i \leq N$), and call this OTU set as "L-local." The default value of L is 11 under the assumption of rough constancy of the evolutionary rate, but we can use much larger L . $EEL[x]$ (EE length for OTU x) is computed applying the equation $[D(i, x) + D(j, x) - D(i, j)]/2$ for all possible $L(L-1)/2$ pairs of OTUs that are members of the set "L-local." If the originally given distance matrix for N OTUs is purely additive, the true and minimum $EEL[x]$ should be found if OTUs i and j are chosen from two OTU sets α and β that are separated by OTU x , respectively. See Saitou (2018) for detailed algorithm. Kryukov made computer program for this method, and we show results of computer simulation by comparing UPGMA, NJ, and 3E.

S5 - 3

Dating the origin and evolutionary history of pathogenic viruses from massive sequences

Koichiro Tamura
Tokyo Metropolitan University

The pandemic of COVID-19 let us witness the cutting-edge technologies for genomic and molecular phylogenetic analyses of massive sequence data. Dating the origin and evolutionary history of pathogenic strains was of critical importance to take measures to prevent infection. The estimation of divergence times between pathogenic viral strains has difficulties in two ways compared to ordinary divergence time estimations for extant organismal species. One is that the number of virus sequences can be much larger than the number of species sequences. Another is that viruses are sampled temporally, whereas the sampling time is assumed to be the same among extant species. For dating the divergence times between a large number of virus sequences sampled temporally, we recently improved the relative rate framework (RelTime), which is algebraic and computationally much more efficient than other current methods. In this symposium, we present a new approach (RelTime with Dated Tips [RTDT]) to estimating pathogen timetrees. In analyses of an extensive collection of computer-simulated datasets, we found the accuracy of RTDT time estimates and the coverage probabilities of their confidence intervals (CIs) to be excellent. In analyses of empirical datasets, RTDT produced dates similar to those reported in the literature.

S5 - 4

Evolutionary informatics for obtaining more knowledge from the sequence data deluge

Wataru Iwasaki
The University of Tokyo

More and more sequence data are becoming available in molecular evolutionary studies thanks to the advanced sequencing technologies. To let researchers take full advantage of this "sequence data deluge" to gain insights into the origins, background, and rules of the evolution of genes and genomes, effective computational methods are strongly needed to overcome the computational cost and resolve the intrinsic complexities of genome evolution. In this presentation, I will introduce our new methods to elucidate the evolution of genes and genomes, namely, Graph Splitting (A multiple-alignment free method for superfamily-scale phylogenetic tree reconstruction), SonicParanoid (a fast, accurate, and easy orthology inference method for large-scale comparative genomics), and Mirage (An evolutionary genomics method for estimation of ancestral gene-copy numbers by considering different evolutionary patterns among gene families).

S6 - 1

翼手類の聴覚器官形成と超音波能力の多様性進化

野尻 太郎¹、福井 大²、武智 正樹¹、小藪 大輔³

¹順天堂大学大学院医学研究科
²東京大学附属富良野演習林
³筑波大学プレジジョンメディスン開発研究センター

生活史の多様性を創出する機構の解明は、生物進化を理解する上での最重要課題の1つである。この中で音声を用いた行動は、コミュニケーションや環境把握など、機能的多様化を果たした代表例である。翼手類の多くは超音波を発信し、物体からの反響音との差分を利用して獲物や環境情報を把握するエコーロケーションを進化させた。翼手類の超音波は、口腔、鼻腔、舌筋、翼など発信器官が系統によって異なるほか、周波数や音声帯域幅など、音響特性にも大規模な種間変異がみられる。こうした著しい多様性がみられる超音波能力は、翼手類の中で果たして何回進化したのだろうか？エコーロケーションの進化的起源は翼手類研究の中で最大の謎ともいえるが、基盤的な翼手類化石の形態解析や聴覚遺伝子の配列比較からアプローチされてきたものの分野間での仮説対立が著しく、未だ決着がついていなかったトピックである。本発表では、超音波受信機能を担う聴取器官の形態形成からエコーロケーションの進化的起源へアプローチした結果と予想される超音波能力の進化史について議論するとともに、超音波多様性を創出した器官形成変異を予察的に検討した結果についても報告したい。

S6 -2

小鳥のさえずり制御の脳内機序と発声学習の進化

橘 亮輔¹
¹東京大学大学院総合文化研究科

発声学習とは後天的に聞いた音パターンを、自身が発声できるようになる学習である。この能力をもつ動物種は非常に限られている。ヒトはこの能力を持つが、ヒト以外の霊長類は限定的な能力しか持たない。哺乳類ではゾウ、イルカ、コウモリ、アザラシが発声学習をすることが知られている。鳥類ではオウムやインコ、ハチドリ、そして鳴禽類が発声学習をする。鳴禽類はスズメ亜目に属する小鳥で、ムクドリ、メジロ、ウグイスなどが身近である。彼らはさえずり（歌）を後天的に学習する。生後しばらくすると父親の歌をじっと聞いて聴覚的な記憶を形成する。その後、自分でも発声しはじめ、試行錯誤を繰り返して自身の歌を獲得する。本発表では、鳴禽類の中でも研究が進んでいるキンカチョウとジュウシマツを対象に、その発声学習の脳内機序を概説する。また、彼らの歌学習をヒトの音声発達と比較して、共通点と相違点を整理する。加えて、様々な種の発声学習を比較することで、この能力の進化シナリオを検討する。

S6 - 3

ミツバチの尻振りダンス解読の神経回路からの考察

藍 浩之¹、藤本 亮汰²、光畑 雅宏³
¹福岡大学理学部地球圏科学科
²福岡大学大学院理学研究科地球圏科学専攻
³アリスタライフサイエンス(株)

音や振動は、短時間に多くの情報を符号化できることから動物の高度な通信手段として使われ、我々ヒトの言語はその代表例である。昆虫にも音や基板振動、空気振動を用いて通信する例が知られており、音や振動をどのように使うかは、昆虫種の生活環境とその通信の目的によって異なる。例えば、単独性の生活様式を持つコオロギは、遠くの個体とコミュニケーションを行うため、遠隔場でも通信可能な音を利用し、闘争や求愛を行う。一方、ミツバチは巣内の狭い範囲の個体とコミュニケーションを行うため、近接場でのみ通信可能な振動を利用し、尻振りダンスと呼ばれる行動を行う。この尻振りダンスのダンスからは、特有の時間構造を持つ空気振動が生じ、巣仲間はその振動の時間を読み取り、蜜源への距離を解読する。演者らはミツバチの脳において、尻振りダンスの振動に特有の時間構造を解読する神経回路を同定した (Ai et al., 2017)。さらにこの時間構造を読み取る神経回路の特徴は、他の昆虫の音や匂いの認識に関わる神経回路にも見られることが分かってきている (Ai et al., 2018)。本講演では、ミツバチの尻振りダンスの振動を解読する神経回路の特徴から、その起源の考察を試みたい。

S6 - 5

サル類の音声解剖生理とヒトの特徴

西村 剛¹
¹京都大学ヒト行動進化研究センター

言語の起源と進化は人類進化の一大イベントである。しかし、人類が有する他の特徴に比べて、その進化プロセスの理解はなかなか進まない。言語は化石にならない。これが最大の障壁である。それゆえに、言語を支えている数多くの生物学的特徴の一つ一つを、ヒト以外の動物と比較し、それらの系統進化プロセスを復元するという営為が積み重ねられてきた。サル類との比較研究は、進化プロセスを復元する点で欠かせない。ヒトの言語コミュニケーションの媒体である話しことば(speech)とサル類の音声とでは、その音声生成の基本的メカニズムは共通する。呼吸気による声帯振動を介して音源をつくり、その音源により声道空間を共鳴させて、耳にする音声を生成する。しかし、話しことばではアイウエオといった音素の変化が主体である一方で、サル類の音声では声の大きさや長さ、高さ、声質などの音楽的要素の変化が主となる。そのような話しことばの音声学的特徴を支える音声解剖学的特徴の進化的変化と、それに裏付けられた音声運動生理とその音響学的効果の特性について、これまでの研究成果をまとめ、サル類の音声からみた話しことばの特徴について再検討する。

S6 - 4

ショウジョウバエの音シグナル情報を処理する神経回路の種間比較

大橋 拓朗¹、石川 由希¹、上川内 あづさ^{1, 2} (1名古屋大学 大学院理学研究科、2東北大学 大学院生命科学研究科)

種内でコミュニケーションを行う動物の音シグナルは近縁種間でも多様化している。音シグナルの受け手もまた、同種の音シグナルを認識する情報処理機構を進化させてきたと考えられる。この情報処理機構は、どのように進化してきたのだろうか？種間で異なる周波数の音シグナルを用いる動物では、同種の周波数に合わせて聴覚器が進化している。一方、時間パターンなどの複雑な特徴を処理する機構の進化については、あまりよく分かっていない。コオロギやショウジョウバエなどの研究では、同種の時間パターンは聴覚神経回路全体を使って処理していることが分かってきている。したがって異なる時間パターンの音シグナルを用いる近縁種間では、聴覚神経回路が分化していると考えられる。聴覚神経回路を詳細に種間で比較することで、この情報処理機構の分化に迫ることができる。本発表では、異なる時間パターンの音シグナルでコミュニケーションを行う2種のショウジョウバエにおける、遺伝的ツールを駆使した詳細な解剖学的、生理学的比較アプローチについて紹介する。この手法によって発見した聴覚神経回路の種間差をもとに、聴覚情報処理がどのように進化してきたのか議論したい。

S7 - 1

不均一なゲノムの場合での突然変異と遺伝子進化のモード

原 雄一郎
東京都医学総合研究所 ゲノム医学研究センター

遺伝子は、進化を経てゲノムに保持され続けることもあれば失われることもある。この遺伝子の「運命」は、機能的制約のみならず、ゲノムの局所領域に内在する配列・構造的特徴にも影響を受けることが、我々の研究から明らかになってきた。我々は「失われやすい」遺伝子をヒトゲノムに同定し、その配列を種間あるいはヒト集団間で比較したところ、失われやすい遺伝子が存在するゲノム領域は高い突然変異率を持つことが示唆された。突然変異率が上昇するゲノム領域の要因には、高頻度なCpGや高い組換え率が従来より知られている。一方で、近年の大規模配列解析を中心とする研究から、ゲノムの核内配置、ヌクレオチドプールの不均一性、DNA損傷修復の起こりやすさなど、ゲノムの多様な局所的特徴が突然変異率と関連することがわかってきた。ゲノム領域ごとの突然変異率の不均一性は、領域特異的に多階層的に起こる突然変異の総和として観察されると言える。本発表では、ゲノム領域特異的に生じ遺伝子進化に影響を及ぼしうる現象を整理し、シンポジウムでの議論を活発化させる一助としたい。

S7 - 2

テロメア隣接領域サブテロメアはゲノム変化のホットスポットである

竹中健人1、大泉祐介1,2、加治拓人2、田代三喜2、○加納純子1,2

1 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
2 元阪大 蛋白質研究所

真核生物の線状染色体の最末端にはテロメアと呼ばれるドメインが存在し、特殊な繰り返し配列からなるテロメアDNAをもつ。そのテロメアに隣接するサブテロメアは、各生物種のサブテロメア間で相同性の高い共通配列が重複してモザイク状に並んだ複雑なDNA構造をとっている。それにより、現在も多くのモデル生物においてサブテロメアDNA配列の完全解読に至っていない。そこで我々は、分裂酵母の標準野生株 (972) のサブテロメア共通配列 (SH配列) の完全解読を行なった。SH配列を多くのセグメントに分割して比較解析した結果、972株のSH配列はサブテロメア間でセグメントの構成が異なり、長さも異なることがわかった。また、他の研究室で保管されている972株と比較したところ、特にテロメアに隣接するサブテロメア領域において顕著な違いが見られた。さらに、分裂酵母の他の自然野生株についても解析した結果、ゲノム中でサブテロメア領域はDNA変化のホットスポットであることが明らかになった。現在、様々な環境条件において培養し続けた分裂酵母を解析しており、何がサブテロメア変化をもたらすのかについて議論したい。

S7 - 4

トランスポゾンとKRAB zinc-finger遺伝子ファミリーの進化的軍拡競争がゲノム生態系の多様化を促進する

○伊東潤平、佐藤佳

東京大学 医科学研究所 感染・免疫部門 システムウイルス学分野

ゲノムは遺伝子ファミリーやトランスポゾン (TE) が共生する生態系の一種と捉えることができる。生態学のアナロジーから、これらの配列は相互作用しつつ進化してきたと予想されるが、この可能性は十分に検証されていない。本研究では、304種類の脊椎動物を対象とした比較ゲノム解析を行い、遺伝子ファミリーとTEの増幅ダイナミクスを網羅的に推定し、共進化関係にあるものを抽出した。その結果、TEと、TEをエピジェネティックな機構により抑制するKRAB zinc-finger (KRAB-ZNF) 遺伝子ファミリーの増幅ダイナミクスが高度に一致することが明らかとなり、両者が進化的軍拡競争関係にあることが示唆された。さらに、嗅覚受容体遺伝子ファミリー等の「巨大遺伝子ファミリー」がTE/KRAB-ZNFと共進化していること、そして、これらの遺伝子座がKRAB-ZNFを介したTE抑制機構によりヘテロクロマチン化されていることが明らかとなった。本研究により、TE/KRAB-ZNFの増幅に伴うヘテロクロマチン領域の拡大が、ゲノムのインテグリティを上昇させることで遺伝子ファミリーの著しい増幅を可能にしたことが示唆された。

S7 - 3

祖先ゲノム再構成により明らかになった初期顎口類ゲノムの非対称進化

中谷洋一郎

大阪大学 大学院医学系研究科 ゲノム生物学講座

初期脊椎動物における全ゲノム重複は複雑な個体発生メカニズムや免疫システムの進化を可能にしたと考えられているが、重複タイミングや系統樹上の位置関係は未解明だった。最近、円口類 (ヤツメウナギ・ヌタウナギ) や軟骨魚類 (サメ・エイ等) を含む遠縁脊椎動物ゲノム解読の進展と、遠縁ゲノムの比較解析手法の開発により、約5億年前に起きた初期脊椎動物ゲノム進化の様相が明らかになりつつある。まず、円口類・顎口類の祖先ゲノム再構成により、脊椎動物・顎口類・円口類の系統で固有の倍数化イベントが生じ、系統ごとに大きく異なるゲノム構造を持っていたことが明らかになった。さらに、遺伝子欠失パターンの分析から、初期顎口類の倍数化イベントは異質四倍体化だったことや、重複後のサブゲノム間非対称進化により重複染色体ペアがマクロ染色体とマイクロ染色体に分化し、GC率・DNA組み換え率が高く遺伝子密度が大きいマイクロ染色体が形成されたことが示唆された。本発表では、顎口類祖先の全ゲノム重複が「ゲノムの場の不均一性」を生み出し、初期顎口類進化やヒトの遺伝的疾患に大きな影響を及ぼしてきた可能性についても議論したい。

S7 - 5

ネムリユスリカの極限環境適応へ寄与した染色体レベルのゲノムの偏り

○吉田祐貴1, Richard Cornette2, Oleg Gusev3, 黄川田隆洋2

1. 東京大学大学院 総合文化研究科 広域科学専攻 関連基礎系
2. 農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門
3. 順天堂大学大学院医学研究科遺伝子転写制御医学講座

ユスリカ(Chironomidae; Diptera) は幅広い環境に生息することが知られているが、他の昆虫が生存できないような環境にもいくつかの種は耐えることができる。特にネムリユスリカの幼虫は乾眠状態に移行することでほぼ完全な乾燥に耐えることができる。ユスリカの染色体数は他のハエ目の種に比べて多く、このような余分なゲノム資源は新しい環境への迅速な適応を促進する可能性がある。そこで染色体レベルでの適応進化を解析するため、我々はネムリユスリカの染色体レベルのゲノム配列をアセンブルした。ハエ目の生物との比較ゲノム解析により、極端なGC含有量の偏りや変異の蓄積、そして乾眠遺伝子の多重重複など、第4染色体の特殊性が明らかとなった。この染色体では急速な新規遺伝子の獲得、乾眠遺伝子のパラログ間での機能多様化、そしてマルチコピー遺伝子の偽遺伝子化などの特性が見られた。これらの結果から、この第4染色体は進化実験の「砂場」のような役割を果たしていることが示唆され、過酷な環境への迅速な適応を促していると考えられる。本発表ではユスリカの適応進化に第4染色体の特殊性がどのように貢献しているのかについて議論する。

S8 - 1

ヤポネシア人とサトイモの来た道

斉藤惟奈¹、長田直樹²、篠村菜月¹、Wiluk Chacuttayapong¹、
深沢知加子¹、小西達夫³、藤井浩¹、大村三男¹、本橋令子¹
¹静岡大学 農学部 応用生命科学科、²北海道大学大学院情報科学
研究院、³進化生物学研究所

人間と密接に関連して生息し、島国などへの分散を人間に依存していた種の研究を通し、人とともに輸送された種の動きを追求することで、この地域の先史時代の人間の集団の動きを知ることになる。サトイモ(*Taro*, *Colocasia esculenta*)は人類が初めて栽培化した作物の1つと言われ、稲作が始まる前の重要な食料の一つと考えられ、エグ味の少ない系統が選抜されたと考えられる。GRAS-Di (Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct) 法を用いて、ゲノムワイドなアンプリコンマーカー及びSNPを作出し、21カ国96のサトイモサンプルの遺伝的な構成の違いを調べるとともに、系統解析を行った。その結果からも、日本に古くから自生している野生のサトイモがエグイモと一つのグループを形成し、多様性の大きな品種群であり、日本で広範囲に栽培されている土垂品種群と蓮葉芋（土垂群の代表品種と考えられている）、平大葉（インド、スリランカ、パキスタンなどアジア諸国で栽培が盛んな品種群）と近縁であることを示した。また、土垂品種群は、沖縄などで1年かけて水田栽培し収穫する田芋、タロイモの栽培圏で最も栽培が多い品種で日本には近代になってから導入されたピンロウシン、赤芽品種群と近縁であることを示した。

S8 - 3

ヤポネシアにおけるイネ受容の歴史をゲノム情報から探る

熊谷 真彦 農研機構

ヤポネシア（日本列島）において栽培イネは、いつ、どこから、どのような系統がもたらされ、どのように利用されてきたのだろうか？これらの問いを明らかにするためにゲノム情報解析を進めている。近年、世界中のイネのゲノム情報の取得が進んでおり、データの読み厚に拘らなければ現在4000を超えるイネのゲノム情報が利用可能である。また、我々は農研機構の保有する栽培イネのコアコレクションのゲノムデータを取得し解析を進めている。"日本在来イネ"コレクションは古来より各地で栽培されてきたと考えられている在来品種を中心として構成され、日本のイネ品種のゲノム多様性を広くカバーするものとなっている。このコアコレクションのハイカバレッジなゲノムデータと他のアジア地域の栽培イネ集団のデータとを合わせ、ゲノム系統解析や集団遺伝学的解析を行なった。これまでに得られた日本の栽培イネ集団の分集団構造や、日本における古代品種と言われる赤米の特徴的なゲノム特性、日本における栽培イネの集団動体などの知見を元に、ヤポネシアにおけるイネ受容の歴史を議論したい。

S8 - 2

ニホングリのゲノム解析から見た植物のゲノム進化の謎

白澤健太(かずさDNA研究所)

クリは縄文時代から日本人に食料や木材として利用されてきたと言われ、現代においても品種改良を行う育種が進められている。育種は遺伝学に基づいて実施されるので、ゲノム情報は育種を推進する上で非常に強力なツールとなる。クリには、日本で広く見られるニホングリの他に、チュウゴクグリ、ヨーロッパグリ、およびアメリカグリなどがある。クリのゲノム研究は、これまでにチュウゴクグリで精力的に行われてきたものの、ニホングリでは立ち遅れていた。そこで演者らは、ニホングリ品種「銀寄」のゲノム解読に取り組んだ。ロングリード技術と遺伝解析の手法を組み合わせた解析により、ニホングリのゲノム配列を染色体規模で決定した。このニホングリと、現在までに染色体規模でゲノムが決定されている100余植物種とのゲノム構造比較を行った。その結果、ニホングリはバラ類の木本植物とゲノム構造が類似していたのに対し、同じバラ類であっても草本植物とは類似性が低いという特徴があり、これまでの植物の分類体系には適合しない結果であった。ゲノム構造の比較解析は植物のゲノム進化の謎を解く鍵となるかもしれない。

S8 - 4

全ゲノムSNP解析による栽培ソバの起原の解明

Jeffrey Fawcett、RIKEN iTHEMS

現在我々が食べているソバ(フツウソバ: *Fagopyrum esculentum*)は、現在中国南西部に自生する野生種が栽培化されたものであり、日本では平安時代には既に栽培されていたことがわ かっている。近年我々は、栽培ソバのリファレンスゲノムを構築し、さらに中国南西部および周辺地域の野生種、栽培種約100系統のシーケンシングを行い、多数のSNPを同定した。本講演では、これらのデータを用いた集団遺伝学的解析の結果を紹介し、フツウソバの栽培起原の過程について議論する。

S9 - 1

MAFFT on python

OKazuharu Misawa (Yokohama City University)

Algorithms of multiple sequence alignment are widely used in genome assembling. Python is one of the most popular computer languages for genomics analysis. For application of genome assembling, the algorithm developed by MAFFT is ported in Python. In the presentation, the dynamic scheduling algorithm will be illustrated using Python scripts. The alignment algorithm using Fast Fourier Transform (FFT) used in MAFFT will be compared to dynamic programming using Python scripts.

S9 - 2

Phylogenetics with indels

Maria Anisimova,^{1,2} ¹Institute of Applied Simulation, School of Life Sciences and Facility Management, Zurich University of Applied Sciences (ZHAW), ²Swiss Institute of Bioinformatics (SIB)

Sequence alignment and phylogeny reconstruction tasks are crucial in genomics and molecular evolution. Changes between homologous characters are typically modelled by a Markov substitution model. In contrast, the dynamics of indels are not modelled explicitly, because the computation of the marginal likelihood even under a most simple model (e.g., TKF91) has exponential time complexity in the number of taxa. But the failure to model indel evolution may lead to artificially short alignments due to the biased indel placement, inconsistencies with phylogenetic relationships. Equally, ignoring or incorrectly treating indels has consequences for the accuracy of phylogeny reconstruction. Luckily, the classical indel model TKF91 can be modified to describe indel evolution on a phylogeny via a Poisson process, termed PIP (Bouchard-Cote, Jordan, 2012). PIP allows us to compute the joint marginal probability of an MSA and a tree in linear time. We developed a 3D dynamic programming algorithm for progressive MSA inference under PIP in polynomial time. Our MSA method is the first polynomial time progressive aligner with a rigorous mathematical formulation of indel evolution. In addition, maximum likelihood phylogeny reconstruction under the PIP model can contribute to improved accuracy, with a particularly large margin for small datasets. Consequently, we suggest how to resolve the dependency between inferences of MSAs and phylogeny by reconstructing them jointly within the same likelihood framework under the PIP model.

S9 - 3

Fostering Users' Literacy with Genome-wide Sequence Analysis Tools – Why Does a Core Facility Run Web Servers?

Shigehiro Kuraku^{1,2}, John Rozewicki¹, Mitsutaka Kadota¹, Osamu Nishimura¹ (¹RIKEN BDR & ²NIG)

Cutting-edge biological studies are often sustained by continuous efforts of so-called 'core' facilities that are taking care of on-site demands of intricate techniques. For more than 10 years, we have run a core facility in the Kobe RIKEN Campus, providing various solutions for DNA analysis. Our primary mission is to deliver DNA sequencing results, and we have also launched several original data repositories and analysis tools. Online products of our activity include aLeaves for handy sequence dataset preparation for phylogeny inference (Kuraku et al., Nuc. Acids. Res. 2013; <https://aleaves.riken.jp/aleaves/>), gVolante for completeness assessment of genome and transcriptome assemblies (Nishimura et al., Bioinformatics 2017; <https://gvolante.riken.jp/>), and Squalomix for providing sequence data, similarity search opportunities, and interactive genome browsers for shark and ray species (<https://transcriptome.riken.jp/squalomix/>). Most recently, our input to the improvement of the multiple sequence alignment program MAFFT led to the development of a tool for efficiently visualizing bulky alignments. This presentation will cover biological and technical topics from our multi-faceted activity at the facility under the coherent policy to support surrounding researchers by managing their expectations and fostering literacy for DNA sequence-based life science studies.

S9 - 4

Off-plan use of technology

OKazutaka Katoh (Osaka University)

We have been developing the MAFFT sequence alignment program for about 20 years. The number of MAFFT users has grown steadily. However, from 2019, along with the spread of SARS-CoV-2 infection, the number of users increased even more rapidly. The MAFFT program speeds up Dynamic Programming (DP) alignments by using a fast Fourier transform (FFT) algorithm to compare amino acid or nucleotide sequences and quickly find regions of high similarity in long sequences. After reporting this method in paper in 2002, the usefulness of MAFFT has been gradually recognized. However, MAFFT's popularity did not necessarily reflect the effectiveness of the FFT algorithm, but rather the ability to process large numbers of sequences and for aligning distantly related sequences. Accordingly, we were surprised to find that MAFFT was often used in phylogenetic analyses to explore the origin of SARS-CoV-2 and for comparisons between virus strains, during the pandemic. Comparison of viral genomes was not a goal when MAFFT was first developed. We analyzed the new use case, and confirmed that the FFT-based method unexpectedly worked for virus genome comparison. In this talk, some small modifications we made specially for the GISAID team are discussed. Nonetheless the core calculation is essentially based on the same 20 year-old idea. This story could also be a lesson for future developments of computational methods and their applications in science. It seems difficult or impossible to predict what methods will be necessary to address urgent problems in the real world. What we can do is to prepare in advance as wide a range of methods as possible that may be useful in the future, and to use a combination of available methods in an emergency situation. It is indeed important to quickly build up a kind of pipeline for urgent analyses, but this is impossible without the accumulation of various elemental technologies that were already developed. Elemental technologies that may or may not be useful alone can only be developed in an environment that is tolerant and allows for deep and quiet study that is interesting scientifically, aside from practical considerations.

S10 - 1

RNAポリメラーゼの進化的起源

八木 創太

理化学研究所 生命機能科学研究センター 高機能生体高分子開発チーム

セントラルドグマの「転写」を担うRNAポリメラーゼは分子量400kDa以上の巨大な構造を持つが、その起源は活性コアを作る約80残基のDouble-Psi Beta-Barrel (DPBB)だと考えられている。また、DPBB構造中において2回擬似対称性が認められるため、DPBBは古代の約40残基程度のペプチドの遺伝子重複と融合から誕生したと推定されている。この進化仮説に則り、本研究では現存するタンパク質のDPBBの配列を参考にして完全対称型DPBBを設計した。また、完全対称型DPBBの配列を半分にした43残基のペプチドも構築したところ、2本のペプチドがホモダイマーとなってDPBBを作ることが分かった。さらに、使用回数の少ないアミノ酸を別のアミノ酸に置き換えることで、Ala, Asp, Glu, Gly, Val, Lys, Argの7アミノ酸種だけでDPBBを構築することができた。この結果から、7アミノ酸種のみで構成された50残基にも満たない短いペプチドからDPBBは誕生可能だと言える。

S10 - 3

ミニマル細菌JCVI-syn3.0Bを用いて探索する細胞運動の起源

○木山 花 1, 柿澤 茂行 2, 笹嶋 雄也 1, 田原 悠平 1,3, 高橋 大地 1, 宮田 真人 1,3

1 大阪公立大学 大学院理学研究科

2 国立研究開発法人 産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門

3 大阪公立大学 複合先端研究センター

スピロプラズマはらせん状の細菌で、左巻きと右巻きらせんを交互に反転する独自の遊泳運動を示す。私たちはこの遊泳運動のメカニズムの解明と進化的起源の探索を目的として、生育に必須な遺伝子のみで構成された合成ゲノムを持つミニマル細菌、JCVI-syn3.0Bに注目した。スピロプラズマの運動は、ヌクレオシダーゼを起源とする独自の細胞骨格タンパク質Fibrilと、他の細菌ではペプチドグリカン合成に関わる5種類の細菌アクチンMreBによって構成されるリボン状の内部構造によって引き起こされる。これらのタンパク質をコードする遺伝子をミニマル細菌に発現させたところ、本来球状で運動能を持たないミニマル細菌にらせん状の細胞形態と遊泳運動を付与することに成功した。さらに、それら遺伝子を様々な組み合わせで発現させた結果、異なる2種類のMreBの組み合わせが運動を引き起こす最小の遺伝子セットであることが示された。また、mreB遺伝子ヘランダム変異を導入したことで動かなくなった変異体の解析を行なっている。その結果を基に、本来らせん形成や運動能には関わらないはずのMreBがどのようにその機能を獲得したのかを議論したい。

S10 - 2

オペロンの進化的起源を実験的に再構成する

金井 雄樹

東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻

生物は遺伝子発現制御機構を獲得したことで様々な環境に適応している。とくに原核生物の遺伝子発現制御機構の特徴は、複数の遺伝子を一つのプロモーター下で制御するオペロン構造を取ることである。しかし、未だにオペロンが進化するメカニズムはよくわかっていない。挿入配列は原核生物で普遍的に見られるトランスポゾンで、周囲の配列を切除する活性をもつものが多く見つかっている。オペロン構造はもともと離れた位置にあった2つの遺伝子の間の配列を挿入配列が削ることによって形成されるのではなからうか？私たちは、挿入配列が持つ転移・切除・切り出しの3活性によってオペロンを形成するとするIDE仮説を提唱した。そして、挿入配列活性を人工的に強化した大腸菌を使い、進化を通じてオペロンが形成される過程の一部を実験的に再構成した。

S10 - 4

原始ウイルスの進化を実験室内で再現する

○寺坂 尚紘

東京工業大学地球生命研究所

ウイルスは、DNAまたはRNAゲノムを包むタンパク質のカプセル（ヌクレオカプシド）で構成されている。ウイルスの進化的起源について様々な仮説が提唱されているが、ヌクレオカプシドの配列および構造解析から、ウイルスは細胞内タンパク質から進化したことが示唆されている。非ウイルスタンパク質からウイルスを模倣したヌクレオカプシドをボトムアップに構築することで、原始ウイルスの進化の過程を再現できると考えられる。我々は、好熱細菌Aquifex aeolicusのルマジン合成酵素(AaLS)とそのmRNAの分子進化によって、ウイルス模倣ヌクレオカプシドを創成した。まずRNA結合ペプチドをAaLSカプシドタンパク質の内表面に提示し、mRNA上のタグ配列を特異的に認識するようにデザインした。さらに分子進化することで、タンパク質の構造が60量体から240量体に大きくなり、自身のmRNAを内包できるようになった。さらにmRNAも構造変化し、高い内包効率と配列選択性を獲得した。これらの結果は、自己集合細胞内タンパク質から原始ウイルスが出現したという仮説を実験的に強く支持するものである。

準備委員会

第24回日本進化学会沼津大会 準備委員会 名簿

斎藤 成也

(国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 斎藤成也研究室 特任教授) {委員長} *

池尾 一穂

(国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 遺伝情報分析研究室 准教授)

井ノ上 逸朗

(国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 人類遺伝研究室 教授) *

今西 規

(東海大学 医学部 基礎医学系 分子生命科学 情報生物医学研究室 教授) *

上田 真保子

(東京医科歯科大学 難治疾患研究所 ゲノム応用医学研究部門 ゲノム機能多様性分野 助教)

長田 直樹

(北海道大学大学院情報科学研究院 生命人間情報科学部門 バイオインフォマティクス分野 准教授) *

神澤 秀明

(国立科学博物館 人類研究部 人類史研究グループ 研究員) *

岸田 拓士

(ふじのくに地球環境史ミュージアム 准教授)

工樂 樹洋

(国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 分子生命史研究室 教授)

鈴木 留美子

(国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 斎藤成也研究室 特任准教授)

松波 雅俊

(琉球大学大学院医学研究科 先進ゲノム検査医学講座 助教) *

本橋 令子

(静岡大学 学術院農学領域 応用生命科学系列 教授・静岡大学 副学長) *

* : 新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」メンバー

文部省学術領域研究「ヤポネシアゲノム」のご紹介

領域のHP：<http://www.yaponesian.jp>

○ 季刊誌 Yaponesian

本領域では、季刊誌 Yaponesianを刊行しております。来年3月までですが、希望される方には無料で郵送します。また、これまでのバックナンバーを含めて、以下のサイトからPDFファイルをダウンロードしていただくことができます：

http://www.yaponesian.jp/kikan_list.php

○ ヤポネシアゲノム 総括班メンバー

斎藤 成也

(国立遺伝学研究所 斎藤成也研究室 特任教授) {領域代表}

篠田 謙一

(国立科学博物館 館長)

鈴木 仁

(北海道大学 名誉教授)

藤尾 慎一郎

(国立歴史民俗博物館 教授)

遠藤 光暁

(青山学院大学経済学部 教授)

木部 暢子

(大学共同利用機関法人 人間文化研究機構 機構長)

長田 直樹

(北海道大学大学院情報科学研究院 生命人間情報科学部門 バイオインフォマティクス分野 准教授)