

シンポジウム

Symposia

S1 Frontiers of Cultural Evolution Research: Approaches from Physics, Informatics, and Cognitive Science

Date	August 21, 2024; 15:00~17:00
Room	Building 14 1F Room A (14-103)
Organizer	Kenji Itao (RIKEN), Kohei Tamura (Tohoku Univ.) , Eita Nakamura (Kyushu Univ.), Hiromi Matsumae (Tokai Univ.)
Language	English
Chair	Kohei Tamura (Tohoku Univ.)

Cultural evolution research has significantly progressed by referencing theories from mathematical biology and population genetics. Recently, the field has experienced further growth through collaboration with disciplines such as physics, informatics, and cognitive science. This symposium will present the forefront of cultural evolution research and provide a platform to discuss the common goals and future development potentials in the study of cultural evolution.

15:00~15:10 **Introduction**

Kohei Tamura¹ ○

¹Tohoku Univ.

15:10~15:30 **S1-1 Evolution of kinship structures driven by marital interactions**

婚姻相互作用による親族構造の進化

Kenji Itao¹ ○

¹RIKEN

Kinship structures with rules of marriage among cultural groups form the basis of social relationships in many traditional human societies. Cultural anthropologists have identified typical classes of worldwide structures with cyclic exchange of mates among clans. To reveal the evolutionary origin and conditions explaining the diversity of kinship structures, we propose a simple model of kinship interactions that considers kin and in-law cooperation as well as sexual rivalry. Through a multilevel evolutionary simulation, we demonstrate the spontaneous emergence of these structures, marked by self-organized interdependence among differentiated groups. By combining a cultural evolutionary approach, which considers the cultural transmission of marital traits, with a statistical physics

perspective, which demonstrates the emergence of macroscopic structures based on microscopic interactions and explains the universality of phenomena, this study offers mechanisms for the evolution of complex social structures.

15:30~15:50 S1-2 Inference of microscopic processes of art style evolution

Eita Nakamura¹ ○

¹Kyushu University

Creative cultures like visual arts evolve through knowledge transmission and modification. The structure of this transmission among creators can lead to notable evolution patterns. Recent research has found interesting trends in painting evolution, but the link to cultural transmission is still unclear. Here, we use clustering to analyze changes in color distribution in oil paintings over time. We find synchronous frequency changes in some color style clusters, indicating creators who favor specific clusters. We then model the transmission of color styles, showing that an influencer-guided model, where styles are transmitted primarily from one creator, fits historical data well. This model also helps estimate creators' influence from image data, aligning well with art history literature.

15:50~16:10 S1-3 Empirical studies on the geographic variation of cultural traits

Yuri Nishikawa¹ ○

¹Tokai University School of Medicine

Cultures are transmitted vertically and horizontally between populations. This presentation introduces two empirical studies to discuss how cultural transmission shapes the geographic variation of cultural traits, with a particular focus on Asian regions, known for their high biocultural diversity. First, the Ryukyu Archipelago has a different history from mainland Japan, and unique cultures have developed on each island. We quantitatively analyzed the geographic variations of 1,342 traditional songs from the Ryukyu Archipelago. We found that horizontal transmission highly contributes to the formation of diversity between islands and work songs exhibit greater diversification between islands. Second, the use of plants in human history has sometimes greatly affected plant habitats. When organisms are transmitted across regions by cultural contacts, they are occasionally called with similar names in different languages. We analyzed similarities between plant names using large linguistic and biological datasets to investigate how 783 plants used in jamu, Indonesian traditional medicine, have been transmitted. The results showed specific clustering patterns of the names depending on origin and timing of dispersal. These studies indicate that the probability of vertical and horizontal cultural transmission vary by cultural traits, and it is important to identify the factors that make such difference from appropriate data.

16:10~16:30 S1-4 Cognitive and psychological effects on technological evolution:

laboratory-based experiments using the virtual arrowhead task

技術進化に対する認知的および心理的影響：

仮想矢じり課題を用いた実験室実験

Yo Nakawake¹ ○

¹JAIST・先端科学技術

Laboratory-based experiments, alongside mathematical modelling and cultural data analysis, are major approaches to studying cumulative cultural evolution. This approach is particularly useful for testing theoretical assumptions about human cognitive or psychological biases that researchers may establish a priori. Here, two cases are demonstrated using the virtual arrowhead task (Mesoudi & O'Brien, 2008, *American Antiquity*), one of the widely used approaches in studies of cultural evolution through laboratory-based experiments. One study focused on human cognitive biases in negative social learning—learning from unsuccessful individuals (Nakawake & Kobayashi, 2019, *Scientific Reports*). In this study, individuals used a strategy that was not theoretically rational, possibly due to human cognitive bias. The other study focused on how individuals behave in an intergenerational framework, where their behaviour aligned with theoretical predictions based on game theory (Nakawake, Kobayashi, 2024, *Royal Society Open Science*). Together, this presentation explores how laboratory-based experiments contribute to testing theoretical assumptions in cultural evolution.

16:30~17:00

General discussion

S2 分子進化の中立説の過去・現在・未来

日時	8月21日 15:00~17:00
会場	14号館2階 C会場 (14-201)
企画者	五條堀 孝 (KAUST・MaOI 機構・NCKU・国立遺伝学研究所) 峯田克彦 (早稲田大学・MaOI 機構)
言語	日本語
司会	峯田克彦 (早稲田大学・MaOI 機構)

現代の進化学の発展に大きく寄与した「分子進化の中立説」を提唱した木村資生博士は、1924年に岡崎市で生誕し1994年に三島市で死没した。したがって、2024年という本年は、日本進化学会の本大会のメインテーマでもある「生誕100年」という記念の年であるとともに、「没後30年」という節目の年でもある。これを機会に、中立説との関連において、各世代の進化学者に自身の分野の「過去・現在・未来」をそれぞれの観点から語っていただく。それによって、若い世代の進化を探究する人達が新たな視点で活躍できる機会を提供することを目指す。

15:00~15:20 S2-1 SINE 法と中立説；SINE 法の過去・現在・未来

SINE method and neutral theory; Past, present, and future of the SINE method

岡田 典弘¹○

¹ 北里大学 薬学部

SINE を含むレトロポゾンのある座位への挿入は、一般的には挿入座位の配列特異性が少ないために、ユニークな現象と考えられる。したがって SINE のあるなしで祖先型を判断することが可能であり、また SINE を共通に持つグループは単系統であると判断できる。この SINE 法によって得られた系統樹は一般的に“正しい”と考えられている。この手法が最初に報告されたのは1993年 Murata et al. (PNAS)であり、それ以来解くことが困難であった様々な系統関係は主に岡田グループによってこの手法によって解かれてきた。鯨の系統関係の決定(Nikaido et al. PNAS, 2001)や原始有胎盤類の分岐がほぼ同時に起こったという仮説の提示(Nishihara, Maruyama & Okada, PNAS, 2009)などはその一例である。ここではこの手法の特徴について概観し将来の展望についても述べてみたい。

15:20~15:40 S2-2 文化と無限座位モデル

Culture and the infinite site(s) model

青木 健一¹○

¹ 東京大学大学院理学系研究科

The Moran model (1958) and the infinite site(s) model (Kimura 1969) have been imported from population genetics, providing a valuable tool for the study of cultural processes. I first present a general formula for the 'popularity spectrum', corresponding to the site frequency spectrum, which is applicable to various forms of cultural transmission. Second, I modify the model to the situation where the unit of observation is, for example, an archaeological site or an island population. The effect of cultural transmission between groups (horizontal transmission) as opposed to phylogeny is quantified and tested against the data.

15:40~16:00 S2-3 木村資生的世界観と大野乾的生命観の対比

Comparative thoughts on Motoo Kimura's and Susumu Ohno's views on evolution

五條堀 孝¹ ○

¹KAUST 栄誉教授/MaOI/NCKU/遺伝研

本年 2024 年は、木村資生博士の生誕 100 年に当たると同時に、没後 30 年になるという記念すべき年である。

木村博士の「分子進化の中立説」は、よく Charles Darwin の自然淘汰説と比較されるが、大野乾博士の進化観と比較されることは少ない。大野博士の進化観は、精緻な理論体系から生まれてはいないが、決定論的要素が強く、木村博士の確率論的な主張とは相容れないところも多い。両者の進化観や世界観を比較してみると、木村博士が主張する考え方がより鮮明になってくる。この記念すべき年に因んで、両巨人の進化観や世界観を演者なりに考察し、木村博士の考え方をより鮮明にしてみることを試みる。

16:00~16:20 S2-4 木村資生先生と根井正利先生

Dr. Motoo Kimura and Dr. Nei Masatoshi

斎藤 成也¹ ○

¹ 遺伝研

中立進化論は 1968 年に木村資生先生が提唱されたものだが、根井正利先生も中立進化論の確立に大きな貢献をされた。私は 1972 年に中立進化論を知るとすぐに中立進化論者となった。その後 1982 年から 1986 年まで米国テキサス大学ヒューストン校の根井正利教授の研究室に留学し、Ph.D.を取得した。根井研究室は、当時中立進化論の牙城のひとつだった。五條堀孝先生がポストドクだった。私の研究テーマは、中立進化論とは直接関係のない系統樹作成法に関するものだったが、それとは別に、インフルエンザウイルスの分子進化を解析し、根井先生が Walter Fitch 博士と共同で刊行を始められた新雑誌 Molecular Biology and Evolution (MBE)に論文が掲載された。1986 年に帰国後は、東京大学理学部の尾本恵市教授の研究室においてポストドク、その後助手をしたあと、1991 年に、五條堀孝先生に声をか

けていただき、国立遺伝学研究所の進化遺伝研究室助教授となり、日本 DNA データバンク (DDBJ) の活動にも参加した。2002 年には集団遺伝研究部門の教授となった。

16:20~16:40 S2-5 集団遺伝学と分子進化学を活用して野生生物の多様性進化を解明する

Applying population genetics and molecular evolution to the study of evolution of natural populations

北野 潤¹ ○

¹ 遺伝研

木村資生が確立した中立説、および、彼らが中心になって確立した集団遺伝学は、現在の進化生物学の根幹となる理論的枠組みである。近年の次世代シーケンサーの発展とゲノム編集技術の開発によって、今はまさに、野生生物の多様性進化の源となる原因変異を特定し、その変異がどのように集団に広まり維持されるか（消失するか）を実験的に検証することが可能な時代にある。すなわち、野生生物の進化研究に、これらの理論を活用・検証できる時代が到来したのだ。私の研究室では、日本を含む北半球に広く生息し、さまざまな環境に進出し多様化しているトゲウオ科魚類を中心に、数世代で観察される野外集団の急速進化から、装飾形質の進化、種分化、独立した系統で観察される収斂進化などを対象に、これらの原因変異を特定し原因変異の動態解明を目指している。本講演では、最新知見のいくつかを紹介し、今後の展望を議論したい。

16:40~17:00 S2-6 生命システムの設計図としてのゲノムの進化と中立説

The Evolution of Genomes as the Blueprint of Biological Systems and the Neutral Theory

遠藤 俊徳¹ ○

¹ 北大・院情科

中立変異の遺伝的浮動による集団内固定は、分子時計という分子の定速進化現象をうまく説明したが、生物の進化、特に形態や適応を伴う進化には十分でない。生物の設計図たるゲノムは機能をもつ遺伝子の集合体で、創発性をもった生命システムを実現しつつ、維持・継承を可能にすることが最低要件であると同時に、自然選択は資源・競争・協調を含む環境要因の変動によって大きく変化するため、個々の遺伝子が選択に有利か否かに留まらず、重複、新規出現、組合せ変化を含めた多次元的影響により、世代間ですら選択係数が一定であり得ないことが影響している。近年は、染色体構造変化や DNA 化学修飾を伴う複雑な遺伝子発現制御とその世代間継承、増殖性の反復配列とその抑制機構など、従来の枠に収まらない生命現象をも解明しつつある。ゲノム進化は生命システムの進化であり、その解明はまさに生物を進化の光の下に引き出して、中立説の位置づけを明確にするだろう。

S3 Korean - Japanese joint society symposium

Date	August 22, 2024; 12:45~14:45
Room	Building 14 1F Room A (14-103)
Organizer	Naoki Irie (SOKENDAI) Daehan Lee (Sungkyunkwan Univ.)
Language	English
Chair	Naoki Irie (SOKENDAI), Daehan Lee (Sungkyunkwan Univ.)

This symposium aims to promote academic interactions between the Korean Society for the Study of Evolution and Society for Evolutionary Studies, Japan by inviting selected speakers from both societies

12:45~12:48 **Opening remark**

Yuseob Kim¹ ○

¹Ewha Womans Univ., Korea

12:48~13:11 **S3-1 Positive feedback between demographic and selective fluctuations can greatly amplify the random fluctuation of population size**

Yuseob Kim¹ ○

¹Ewha Womans Univ., Korea

Population sizes fluctuate over time probably due to random variability in the external environment. However, the severity of such fluctuations should depend on the characteristics of a species shaped in its evolutionary history. Previous studies have suggested that species are likely to evolve to minimize demographic fluctuations because an allele causing a smaller variance in offspring number is advantageous. However, this study finds that evolution in the opposite direction, favoring a mutation causing larger fitness fluctuation, occurs in a simple eco-evolutionary model under a randomly changing environment. This requires that (1) the mutant allele is under fluctuating selection within a subset, the field, of the population but neutral in another subset, the refuge, and (2) the field-to-refuge ratio of the carrying capacity is positively correlated to the mutant allele's fitness. A general condition for the fixation of such a mutation was derived to depend on the relative strengths of demographic and fitness fluctuations and the mutation's effect on the carrying capacity. Multi-locus simulations revealed that positive feedback between demography and selection accelerates the sequential fixations of fluctuation-amplifying mutations and thus drastically amplifies a population size fluctuation. This study therefore offers an unconventional explanation for large demographic fluctuations.

13:11~13:34 **S3-2 Population genetics of phenotype**

表現型の集団遺伝学

Hideki Innan¹ ○

¹SOKENDAI

It is not straightforward to address the evolution of complex phenotypes within the framework of population genetics. Therefore, most classical theoretical models directly link genotypes to phenotypes. In this study, we aim to overcome this limitation by exploring population genetic models that take into account individual development, in order to elucidate more complicated mechanisms of phenotypic evolution. In this model, the phenotype of each individual is defined by the expression levels of multiple genes. These expression levels (phenotypes) change during the developmental stages and ultimately result in the adult phenotype. This developmental process is governed by a gene regulatory network. By defining individuals in this manner, we can address the evolutionary process at the population level. Using this model, as an example, we consider how phenotypic plasticity can be acquired through evolutionary processes. We also discuss the potential of this model for exploring the evolution of other complex phenotypes.

13:34~13:57 **S3-3 Balancing selection in the genomics era**

Kang-Wook Kim¹ ○

¹Division of EcoScience and Department of Life Science, Ewha Womans University, Seoul 03760, Republic of Korea

In evolutionary biology, balancing selection plays a crucial role in maintaining genetic diversity within populations. Unlike most non-neutral mutations, which tend to be deleterious, balancing selection preserves multiple alleles at a gene locus, fostering variation. Historically, the phenomenon of variations actively maintained by selection was considered rare. However, advancements in genomics have uncovered numerous instances of balancing selection, extending well beyond classical examples such as the coexistence of sex chromosomes.

This presentation delves into various mechanisms that enable balancing selection, including heterozygote advantage, negative frequency-dependent selection, and local adaptation. I will explore these concepts with illustrative examples from birds and insects, highlighting the dynamic and diverse genomic landscapes observed in these groups. Additionally, I will discuss the persistence of sex-limited color polymorphisms, demonstrating how balancing selection can maintain multiple alleles even beyond species boundaries.

Integrating genomics into evolutionary biology provides unprecedented insights into these processes, offering a deeper understanding of species adaptation and the preservation of genetic variation across generations. As research progresses, we anticipate discovering even more examples

of balancing selection, underscoring its significance in the natural world.

13:57~14:20 **S3-4 Experimental evolutionary approaches to symbiosis**

共生への実験進化学的アプローチ

Takema, Fukatsu^{1,2,3} ○

¹AIST, ²Univ. Tokyo, ³Univ. Tsukuba

Obligate insect-bacterium mutualism is among the most sophisticated forms of symbiosis. However, such obligate symbiotic bacteria must have been originally derived from free-living environmental bacteria. How have highly specialized obligate mutualists arisen from less-specialized free-living microorganisms? To address this fundamental evolutionary question, we established a novel experimental model system that enables laboratory evolution of mutualism between the stinkbug *Plautia stali* and the model bacterium *Escherichia coli*. The insect-*E. coli* experimental symbiotic system opens a window to directly observe and analyze the evolutionary processes and mechanisms of mutualistic symbiosis in real time. Considering that *E. coli* is among the best understood cellular organisms, laboratory evolution of mutualism using such a model bacterium with ample technological and genetic resources will lead to understanding of previously unapproachable evolutionary aspects of symbiosis. Since *E. coli* is a universal component of the gut microbiome of humans, mice and other vertebrates, the insect-*E. coli* system in comparison with the germ-free mouse-*E. coli* experimental evolution system would enable us to pursue not only the differences but also the commonality underpinning the mechanisms of gut symbiosis across vertebrates and invertebrates.

14:20~14:43 **S3-5 *Drosophila sechellia*, a model system for Eco-Evo-Neuro-Devo**

Daehan Lee¹ ○, Geon Park¹, Asfa Sabrin Borbora², Jérôme Mermet², Ambra Massuzo², Richard Benton²

¹Sungkyunkwan Univ., ²Univ. Lausanne

Nervous systems exhibit remarkable adaptability, evolving rapidly in response to environmental changes. *Drosophila sechellia* (*Dsec*) provides an ideal model for studying how ecological adaptations shape nervous system evolution. In contrast to its cosmopolitan generalist relatives *D. melanogaster* (*Dmel*) and *D. simulans* (*Dsim*), *Dsec* is an island endemic and exhibits extreme niche specialization on ripe *Morinda citrifolia* (noni) fruit, providing an evolutionary context for their differences. Using single-nucleus RNA sequencing (snRNA-seq) and in vivo experiments, we characterized a dramatic remodeling of the olfactory system in *Dsec* associated with its unique olfactory behavior toward ripe noni fruit. To uncover the developmental and genetic mechanisms underlying such changes in the adult olfactory system, we examined how the developmental program diverges in the developing *Dsec* antennal imaginal disc. This revealed that *Dsec*-specific developmental changes in subpopulations of sensory organ precursor cells correlated with changes in the final population of olfactory sensory

neurons. Taken together, our study will establish a model system to study how genetic changes shaped by a new ecological niche lead to neurodevelopmental renovation and the evolution of species-specific novel behaviors.

14:43~14:45 **Closing remark**

S4 日本から見た栽培植物の進化

日時	8月22日 12:45～14:45
会場	14号館2階 C会場 (14-201)
企画者	大田 竜也 (総合研究大学院大学) 那須 浩郎 (岡山理科大学)
言語	日本語
司会	大田 竜也 (総合研究大学院大学) 那須 浩郎 (岡山理科大学)

世界各地に起源する栽培植物は人為選択のもとで形質を大きく変えその分布を拡大した。最近の研究から様々な栽培植物が日本に伝播してきた過程が明らかにされる一方、日本に起源し他の地域へ伝播した可能性のある栽培植物の存在も示されている。今回のシンポジウムでは、日本という地域に焦点をあてアズキ、ウルシ、クリ、ソバといった栽培植物の進化についての最新の研究を紹介する。

12:45～13:05 S4-1 考古植物学からみた日本列島における栽培植物の来歴

The history of domesticated plants in the Japanese archipelago from an archaeobotanical perspective

那須 浩郎¹○

¹岡山理大・基盤教育

本発表では、考古植物学の観点から、日本列島における栽培植物の来歴についての近年の見解を紹介する。縄文時代草創期から早期（約12000～10000年前）に報告されている栽培植物として、ウルシ、ヒョウタン、アサがある。これらは、現在の日本列島に野生種が自然分布しないため栽培植物とされているが、これらがどのように日本列島に持ち込まれ、維持されていたのかはよく分かっていない。縄文時代中期～晩期（約5000～3000年前）には、在来種のアズキ、ダイズ、ヒエ、クリの野生種の種子大型化が見られ、日本列島でも独自にドメスティケーションが起きた可能性が検討されている。縄文時代の終末（約3000～2800年前）になると、大陸からの渡来民とともに、イネ、アワ、キビの穀物が伝来し、少し遅れてモモとメロンが伝来した。コムギやオオムギは古墳時代頃に伝来し、ソバは奈良時代から平安時代頃に入ってきた作物だと考えられる。

13:05～13:30 S4-2 日本ウルシの起源

The origin of urushi, Japanese lacquer

菅 裕¹○、石崎 陽子²、傳保 聖太郎¹、吉田 千夏²、山内 耕祐⁴、渡辺 敦史³、椎名 隆²

¹ 県立広島大、² 摂南大、³ 九州大・院農、⁴ NPO 法人丹波漆

漆は古来より、塗料や接着剤として日本列島で使用されてきた。様々な新素材が開発された現代社会においても、文化財や伝統工芸の分野で利用が続いている。漆を産生する生物種としてのウルシは、日本人にもっともなじみ深い植物の一つといえるかもしれない。遺跡の調査では、縄文時代前期にはすでに相当発達した漆文化や技術が存在したことがわかっている。しかしウルシという種がどこから来たのか、また漆の塗料や接着剤としての利用がどこで始まり、どのように発展してきたかという点についてはまだそれほど明らかでない。ウルシという種の起源についても、またその利用文化についても、中国発祥という説が一般的であるが、遺跡の遺物だけを追うならば日本の記録と中国の記録は大きく変わらず、日本が起源であると唱える研究者もいるくらいである。

我々は、この問題に決着をつけるべく、ウルシの DNA 分析を進めている。今回中国湖北省のサンプルを中心に全ゲノム解析を行った。加えて、手薄であった京都周辺のウルシを自然の山林からサンプリングし、これも全ゲノム解析を行った。その結果、日本ウルシは中国湖北省周辺の個体が、大陸東岸を経由して日本に渡ってきた可能性が高いことが明らかとなった。また意外にも京都の山林には独自の遺伝的背景をもつ集団が広がっており、「ウルシのふるさと」としての西日本の重要性が示唆される結果となった。

13:30~13:55 S4-3 アズキの起源が日本であることを示す集団ゲノム解析

The origin of azuki bean

内藤 健¹ ○

¹ 農研機構・資源研

アズキは日本のマメなのか。少なくとも考古学的には、縄文後期には縄文人の主要な食料だったことは間違いない。だが、その頃からアズキの栽培が始まっていたのか、否か。本研究では栽培家に伴う種皮色の変化に関わる遺伝子を同定し、その遺伝子座周辺の配列について野生系統群と栽培系統群の分岐年代を遡ることによって、種皮色の変化に関わる変異型アリルが何世代前から優占し始めたのかを明らかにした。結果は約 5000 世代となり、アズキが一年生植物であることを考慮すれば、約 5 千年前から赤いアズキが選抜されてきたと考えられた。すなわち、アズキの種皮色に対する人為選抜は縄文時代から始まったと考えられる。

13:55~14:20 S4-4 栽培グリと野生グリの地理的遺伝構造からみるニホングリの栽培化の歴史

The domestication and breeding history of *Castanea crenata* Siebold et Zucc.: Insights from wild and cultivated population structures

西尾 聡悟¹ ○

¹ 農研機構・果茶研

ニホングリは縄文時代から人々の生活に密接に関わっており、縄文時代後期以降の複数の遺跡から、大型化した果実が出土されている。一方で、文献上のクリの栽培の起源は江戸時代以前の丹波地方であり、栽培化の歴史は謎に包まれている。また、花粉や種子の飛散により、栽培グリから野生グリへの長年の遺伝子汚染が推定され、これが栽培グリの進化を解明する上で大きな障壁になっている。本研究では、栽培グリと野生グリ 847 個体を MIG-seq 法により解析し、野生グリの地理的遺伝構造と栽培グリの野生グリへの遺伝子流動を明らかにした。栽培グリの影響を受けていない野生グリは、標高が高く人々の生活の影響が少ない場所に分布していた。これらの野生グリと栽培グリを遺伝的に比較したところ、栽培グリはいずれの地域の野生グリからも遺伝的に離れており、特定の地域から派生したものではなく、複雑な栽培化過程を経ている可能性が考えられた。

14:20~14:45 S4-5 集団遺伝学解析によるソバの栽培化と拡散過程の解明

Population genetic analysis reveals the domestication and dispersal process of common buckwheat

Jeffrey Fawcett¹ ○

¹RIKEN iTHEMS

ソバは中国南西部で栽培化され、その後遅くとも 1000 年以上前には日本からヨーロッパに至るまでユーラシア各国に広く拡散していたと考えられている。我々は近年、ソバの祖先野生種や世界各国の在来種、計数百系統のシーケンシングを行い、集団遺伝学解析を行ってきた。本講演ではその結果から見えてきたソバの栽培化と日本および世界各地への拡散過程について議論する。

S5 Evolution of species in Asia

Date	August 22, 2024; 15:00~17:00
Room	Building 14 1F Room A (14-103)
Organizer	Yoko Satta (SOKENDAI) Chau-Ti Ting (National Taiwan Univ.)
Language	English
Chair	Yoko Satta (SOKENDAI)

Through this symposium, we will make a new contribution to the further development of evolutionary studies in East Asia by bringing together researchers from diverse fields such as genetics, botany, archeology, and genome biology from East Asia.

15:00~15:03 **Opening remarks**

15:03~15:22 **S5-1 Evolution of Fatty Acid Elongase Gene Family in *Drosophila***

Chung-Hui Ho¹, Yu-Chien Lin¹, Shu Fang², and Chau-Ti Ting¹ ○

¹Department of Life Science, National Taiwan University, Taiwan

²Biodiversity Research Institution, Academia Sinica, Taiwan

Fatty acid elongases are a large protein family involved in many essential functions, such as desiccation resistance, in *Drosophila*. Previous studies have shown that a female-specific expressed fatty acid elongase gene, *eloF*, is responsible for the sexual dimorphism of cuticular hydrocarbons (CHs) in closely related species. To understand the evolution and functional divergence of the fatty acid elongase family, we first identified all fatty acid elongase genes from 20 *Drosophila* species. By comparing the sequence similarity and chromosomal synteny, we reconstructed the evolution of the fatty acid elongases in *Drosophila*. We further study the recent regulatory evolution by focusing on the sex-biased expression of fatty acid elongases in the *D. melanogaster* species subgroup. We took a genetic approach to characterize the function of a newly identified female-biased fatty acid elongase. We took a genetic approach to characterize the function of a newly identified female-biased fatty acid elongase. The results showed that loss of the female-specific fatty acid elongase led to a dramatic decrease of very-long-chain (29-33 carbons) CHs accompanied by an increase of shorter-chain (≤ 27 carbons) in females but not in males. Mating choice experiments showed that males preferred wild-type females over knockout females when given a choice. This difference in mating success suggested that the lack of those female-specific very-long-chain CHs (29-33 carbons) could reduce the females' attractiveness. We further showed that fatty acid elongases independently evolved female-biased

expression are important for sexual isolation between closely related species. We also demonstrated that the fatty acid elongase gene family follows the birth-and-death evolution model, and gene duplication can quickly adopt essential roles in reproduction or survival.

15:22~15:41 S5-2 The evolution of dragonflies and their superior visual ability

Haomiao Zhang¹, Xuemei Lyu¹ ○

¹Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Kunming, Yunnan, China

Dragonflies, belonging to the order Odonata, are the oldest and the most diverse aquatic insects and are a group with a very high success rate of predation among flying insects. This is related to the dragonfly's superior visual ability, which dynamically tracks and locates its prey. In this study, we first constructed genome phylogenetic trees of nearly 20 representative families in Odonate, to clarify the taxonomic evolutionary relationship between Odonate, Lepidoptera, and Neoptera, as well as the evolutionary relationships between representative families within Odonate. The phylogenetic results indicated that Odonate and Neoptera form sister groups, Lepidoptera is the outer group of both, and the ancestors of the suborder Paraptera (dragonfly) and Zygoptera (damselfly) diverged around 241.9 Mya. The gene family expansion and contraction analysis showed that some vision-related gene families had significant gene family expansion in the ancestors of the Odonate and the suborder Paraptera, respectively. The results of transcriptome sequencing of 26 tissues and single-cell sequencing of compound eyes showed that these gene duplicates were specifically highly expressed in the compound eye tissues of dragonflies, and photoreceptor cell types. It suggests that gene duplication is an important driving force for the functional evolution of dragonfly compound eyes. Genetically edited *Drosophila* models will give us a more well-defined phenotypic display and gene function. We are also building a holographic database of dragonflies for the acquisition and analysis of diverse information about dragonflies and accurate and rapid identification.

15:41~16:00 S5-3 Exploring the Role of Transposable Elements in *Opsariichthys* Speciation

Jui-Hung Tai^{1,2}, Tzi-Yuan Wang³, Yu-Wei Wu⁴, Feng-Yu Wang⁵, Shih-Pin Huang³, Te-Yu Liao⁶, Shu-Miaw Chaw³, Hurng-Yi Wang^{1,2} ○

¹Genome and Systems Biology Degree Program, National Taiwan Univ. and Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ²Graduate Institute of Clinical Medicine, College of Medicine, National Taiwan Univ., Taipei, Taiwan, ³Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ⁴Graduate Institute of Biomedical Informatics, College of Medical Science and Technology, Taipei Medical Univ., Taipei, Taiwan, ⁵Taiwan Ocean Research Institute, National Applied Research Laboratories, Kaohsiung, Taiwan, ⁶Department of Oceanology, National Sun Yat-sen Univ.

Transposable elements are increasingly recognized as catalysts for chromosomal evolution and species

diversification in vertebrates. In this study, we explore their significant role in shaping chromosome evolution within the genus *Opsariichthys*. Species of *Opsariichthys* exhibit an unusual chromosomal count of 38 or 39 pairs, compared to the standard 24 pairs within the Xenocyprinidae family, without accompanying genome size inflation. Comparative genomic analyses of the sister genera *Candidia barbarus*, *Zacco platypus*, and *Opsariichthys biden* indicate that 15-16 chromosome pairs have undergone fission events, linked to the proliferation of LINE/L2 retrotransposons. Additionally, we identified mutations in the Piwi genes of *Opsariichthys*, which are crucial regulators of retrotransposons activity. These mutations, found in the RNA-binding domains, likely impair their ability to repress retrotransposons, potentially explaining the unusual expansion of LINE/L2 in the *Opsariichthys* lineage. Moreover, genomic regions associated with chromosome fission and rearrangement showed reduced historical gene flow between species, suggesting that these regions may act as barriers to gene flow. LINE/L2 expansion is hypothesized to have facilitated chromosomal fission, contributing to speciation within *Opsariichthys*. Our findings highlight novel aspects of chromosomal evolution and species diversification, elucidating the mechanisms behind the observed LINE/L2 expansion.

16:00~16:19 **S5-4 Inferring evolutionary history and admixed genetic ancestry of the Taiwanese Siraya people**

Wen-Ya Ko¹ , Wei-Chen Pan¹, Jia-Ni Zeng¹, Kuan-Tsen Lin¹, Jun-Hun Loo², Yoko Satta³, and Marie Lin²

¹National Yang Ming Chiao Tung Univ. Taiwan., ²Mackay Memorial Hospital Taiwan., ³SOKENDAI While the indigenous people of Taiwan are of central interest in studying genetic origins of the Austronesian-speaking people who have populated throughout Southeast Asia, Oceania, and the Pacific, it is less known that there were many Plain indigenous tribes (known as "Pingpu" people) who once inhabited in the plains of western Taiwan. The Pingpu people had largely admixed with Han Taiwanese. However, little is known about the time and degree of population admixture. Here, we studied admixed genetic ancestry of the Pingpu Siraya people by analyzing the whole genome SNP genotyping data in 43 individuals for a total of 2,612,357 SNPs. We showed that the Siraya are genetically distinct from the Han Taiwanese and phylogenetically grouped together the Austronesian populations with a recent gene flow from the Han Taiwanese. We inferred local genetic ancestry for each individual genome. The average proportions per genome are 0.41 (ranging: 0.3 - 0.59) and 0.26 (0.14 - 0.36) for the Han and Austronesian ancestries, respectively. The admixture event was dated as early as 252 years ago. The obtained ancestry information is expected to facilitate the genetic profiling of disease susceptibilities and development of statistical models for disease-risk prediction for the Siraya people.

16:19~16:38 S5-5 **Jomon people from a genomic perspective**

ゲノムからみた縄文人

Hiroki Oota¹ ○

¹Department of Biological Sciences, The university of Tokyo

Anatomically modern humans reached East Asia around 50,000 years ago. However, key questions still remain unanswered with regard to the route(s) and the number of wave(s) in the dispersal into East Eurasia. Paleogenomics may elucidate a detailed picture of the peopling of East Eurasia. We analyze the whole-genome sequence of a 2,500-year-old individual (IK002) from the main-island of Japan that is characterized with a typical Jomon culture. The phylogenetic analyses support multiple waves of migration, with IK002 forming a basal lineage to the East and Northeast Asian genomes examined, likely representing some of the earliest-wave migrants who went north from Southeast Asia to East Asia. Furthermore, IK002 shows strong genetic affinity with the indigenous Taiwan aborigines, which may support a coastal route of the Jomon-ancestry migration. This study highlights the power of Paleogenomics to provide new insights into the complex history of human migration into East Eurasia.

16:38~16:57 S5-6 **Genome analyses of Japanese Azuki beans**

Tatsuya Ota¹ ○, Hiroo Nasu²

¹RCIES, SOKENDAI, ²Ctr Fund Edu, Okayama Univ. Sci.

There are a few agricultural plants originated in Asia. One of them is Azuki bean *Vigna angularis* var. *angularis*, which is derived from its progenitor *Vigna angularis* var. *nipponensis*, so called wild Azuki bean or Yabutsuruazuki in Japanese, distributed in East Asia such as Japan, Korea and China. Although its birthplace, i.e., the origin of domestication of Azuki bean, remains a matter of debate, Japan is certainly an important region to understand the origin and domestication process of cultivated Azuki beans. In this study, we have examined a few Japanese landraces for their genetic diversity within and among landraces by whole genome resequencing with deep depth coverage. As the results, the genetic diversity within a landrace is quite low reflecting its mostly selfing nature of reproduction in some cases, and it is more extensive and comparable to one between landraces in the other cases. Further examinations of their genomes have then revealed that restricted genomic regions are highly variable even within a landrace, and comparisons with other *Vigna*, species, such as *V. nakashimae* and *V. riukiensis*, have indicated that traces of past introgressions from the species are detectable in both cultivated and wild Azuki bean genomes.

16:57~17:00 **Closing remarks**

S6 サトイモ科植物をとりまく ユニークな進化研究

日時 8月22日 15:00~17:00
会場 14号館2階 C会場 (14-201)
企画者 本橋 令子 (静岡大学)
村中 智明 (名古屋大学)
言語 日本語
司会 本橋 令子 (静岡大学)
村中 智明 (名古屋大学)

世界的な作物として重要な位置を占めるサトイモ（別名タロイモ）を含むサトイモ科植物では、近年複数種のゲノム情報が公開され、分子生物学・進化生態的な研究が進んでいる。本シンポでは、サトイモの伝搬経路やショウジョウバエとの送粉共生、テンナンショウの種分化と送粉者キノコバエとの関係、さらにサトイモ科基部である発熱植物ザゼンソウや浮遊植物ウキクサを用いたユニークな研究を紹介し、進化学におけるサトイモ科植物のポテンシャルを考える。

15:00~15:05 **開会の挨拶**

本橋 令子¹○

¹ 静大・院農

15:06~15:26 S6-1 **サトイモの系統解析と渡来起源について**

Phylogenetic analysis of taro and its origin

本橋 令子¹○、斉藤 惟奈¹、藤井 浩¹、長田 直樹²、小西 達夫³

¹ 静大・院農、² 北大・院情、³ 進化生物研

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。縄文時代、又はそれ以前からヤポネシア（日本）人が食べていた植物種の1つであるサトイモ(*Taro, Colocasia esculenta*)の起源地や分散経路をGRAS-Di法などを用いたゲノム解析により解き明かしてきた。温泉地や湧き水のある場所など、生育条件に恵まれた土地で、縄文時代後期の寒冷期を乗り越え自生化したサトイモが存在し、アジアからオセアニアで採取したサトイモと系統比較を行った結果、自生イモは“エグイモ”だと推定でき、ヤポネシア人によって日本に持ち込まれたと考えられた。また、日本で広範囲に栽培さ

れている土垂品種群は、多様性の大きな品種群であり、“エグイモ”と同様に3倍体で、土垂品種群のいくつかは“エグイモ”と遺伝的に近いこともわかっている。

15:27~15:47 S6-2 タロイモショウジョウバエ属内の系統進化・系統地理：

特に *cristata* 種群の繁殖特性と関連して

Phylogeny and biogeography of *Colocasiomyia* (Diptera: Drosophilidae):

Focusing on the reproductive traits of the *cristata* species group

高野 宏平¹○, 佐藤 柊介², 加藤 徹², 三宅 崇³, 戸田 真憲⁴

¹長野県環境研, ²北大・院理, ³岐阜大・教育, ⁴北大・博物館

サトイモ科の花は花軸状に密集して肉穂花序をなす。サトイモ科でも分岐の進んだ属では、雄蕊／仮性雄蕊／雌蕊だけからなる小花が連なる雄花序／不稔花序／雌花序に分かれ、花序全体が受粉のために一つの花の役割を果たしている。タロイモショウジョウバエ属 (*Colocasiomyia*) *cristata* 種群では、サトイモ科サトイモ属やその近縁属の植物を寄主とする緊密な繁殖場所送粉共生が進化し、さらには複数種のハエが一つの寄主植物の花序を雄花序／不稔花序／雌花序で棲み分ける共存系がみられる。この雄花／雌花利用型、中間型の進化にはまだ不明な部分も多いが、現在の知見から概観する。日本には雄花利用型のクワズイモショウジョウバエ *C. alocasiae* と雌花利用型のニセクワズイモショウジョウバエ *C. xenalocasiae* が分布するが、最近になって宮崎、高知、京都から新産として採集された。日本から中国にかけての集団遺伝解析の結果から、これら2種の移入経路を生物系統地理学的に議論したい。

15:48~16:08 S6-3 日本列島で急速に多様化したテンナンショウ属が示す

種特異的キノコバエ送粉者の利用

Species-specific exploitation of pollinating fungus gnats in the genus

Arisaema which has rapidly diversified in the Japanese archipelago

松本 哲也¹○

¹茨城大・院理工

わが国に産するテンナンショウ属は、全53種のうち47種が固有種である。これら種間の遺伝的分化は極めて小さいため、日本列島で急速に多様化したと考えられている。近年、さまざまな日本産種から、キノコバエ送粉者の種特異的な誘引が立て続けに報告されている。混生集団でも送粉者の種特異性は非常に安定しており、強固な生殖的隔離として機能すると考えられる。広域分布種からは、形態では識別できないものの異なるキノコバエを誘引する複数のエコタイプが見いだされており、種分化の初期段階に送粉者シフトが生じていることが示唆されている。幾つかのテンナンショウでは送粉者の性比が強くオスに偏るため、種特異的な送粉者の誘引にはフェロモン様物質への擬態が関与している可能性がある。今後、日本産全種の送粉者相の記載と種特異性の至近メカニズムの解明が進められることで、

テンナンショウ属の適応放散的種分化の全貌が明らかになると期待される。

16:09~16:29 S6-4 ザゼンソウ属のゲノム比較からわかる発熱誘導機構の進化

Unveiling the Evolution of Thermogenic Mechanisms: Comparative Genomics in Symplocarpus

佐藤 光彦¹○, 田中 裕之², 高野 宏平³, 豊田 敦⁴, 伊藤 武彦², 白澤 健太¹, 稲葉 靖子⁵

¹かずさ DNA 研, ²東工大, ³長野県環境研, ⁴遺伝研, ⁵宮崎大・農

種子植物の中には花が発熱する「発熱植物」が存在し、特にサトイモ科やソテツ科で多数報告されている。サトイモ科では仏炎苞に包まれた肉穂花序が外気温より 20°C 以上高温になるなど非常に強い発熱の例もある。サトイモ科の基部に位置する 4 倍体のザゼンソウとナベクラザゼンソウは寒冷環境で開花し発熱するが、近縁種で 2 倍体のヒメザゼンソウは非発熱あるいは微弱発熱である。属内で発熱パターンが大きく異なるザゼンソウ属は発熱形質の進化を理解するモデルとなる。そこでロングリードシーケンサーを用いてザゼンソウのゲノムを決定し、ナベクラザゼンソウとヒメザゼンソウのリシークエンスを実施して 3 種を比較した。その結果、ザゼンソウで発熱との関連が示唆されている遺伝子について、ナベクラザゼンソウでは相同な遺伝子が見つかったがヒメザゼンソウでは見られなかった。本発表では発熱誘導機構の獲得プロセスについてゲノム比較から検討したい。

16:30~16:50 S6-5 ウキクサから考える開花期の多様化メカニズム

Exploring the mechanisms of flowering season diversity based on the duckweed study

村中智明¹○

¹名古屋大・院農

ウキクサ植物は浮遊性の小型植物であり、その特異な形態から長らくウキクサ科が設けられてきたが、分子系統解析の結果、ザゼンソウ、アンスリウムに挟まれ、サトイモ科の仲間になった。アオウキクサ属の植物は、1 週間の日長処理で花芽が形成されるため、光周性花成のモデルとして研究されてきた。日本産アオウキクサは水田に適した生活史を獲得した短日植物であり、冬の到来・収穫期の水抜き前に花を咲かせる。日本全国からアオウキクサを集めたところ、開花誘導日長に大きな種内変異が見られた。さらに、誘導日長の多様化の背景に概日リズム周期の多様化があることが示唆された。また、長日植物のイボウキクサでは、日長で誘導される開花制御遺伝子がアオウキクサとは異なるクレードに属することが明らかとなった。これらの結果から開花期の質的・量的な多様性を生み出すメカニズムを議論する。

16:50~17:00 総合討論、閉会の挨拶とまとめ

村中 智明

名古屋大学

S7 Evolutionary studies of eating

Date	August 23, 2024; 10:00~12:00
Room	Building 14 1F Room A (14-103)
Organizer	Takashi Hayakawa (Hokkaido Univ.) Masato Nikaido (Tokyo Institute of Technology)
Language	English
Chair	Takashi Hayakawa (Hokkaido Univ.) Masato Nikaido (Tokyo Institute of Technology)

Eating behavior is an important product of animal evolution. Various traits related to eating behavior were evolved to satisfy nutritional requirements in complex food webs. Feeding habits were dynamically changed in some animals. Defense mechanisms in prey species were also flexibly evolved. In this symposium, researchers who are involved in multiple taxa and fields in animals make presentations focusing on various traits such as morphology, food selection, taste, symbiont microorganisms, dietary shift. Based on these latest scientific findings, we discuss the breadth of knowledge in Evolutionary studies of eating.

10:00~10:05 Introduction

Takashi Hayakawa¹ ○

¹Hokkaido Univ.

10:05~10:20 S7-1 Epigenetic regulation through histone H3K9 trimethylation mediates adaptation to dietary carbohydrates in *Drosophila* species

ヒストン H3K9 トリメチル化を介したエピジェネティック制御は
ショウジョウバエの炭水化物への適応に機能する

Kaori Watanabe¹, Mari Taguchi¹, Tadashi Uemura^{1, 2, 3}, and Yukako Hattori^{1, 2, 4}, ○

¹Grad. Sch. of Biostudies, Kyoto Univ., ²CeLiSiS, Kyoto Univ., ³AMED-CREST, ⁴JST FOREST
Nutrition significantly impacts animal growth. To understand how animals adapt to different nutritional conditions, we previously compared nutritional generalist and specialist *Drosophila* species (Watanabe et al., *Cell Reports*, 2019). The larvae of the generalist *D. melanogaster* (*Dmel*) maintained metabolic homeostasis through TGF- β /Activin signaling, adapting to various nutrient balances. In contrast, both the specialist *D. sechellia* (*Dsec*) and a *Dmel* *Activin* mutant exhibited reduced adaptation to carbohydrate-rich diets. Here, we identified repressive chromatin regulation by histone methyltransferases, Su(var)3-9 and Suv4-20, as another regulatory mechanism in *Dmel*. Unlike *Dsec*,

wild-type *Dmel* robustly maintained H3K9me3 modification irrespective of the different nutrient balances. Surprisingly, we found a substantial overlap in significantly reduced H3K9me3 peaks between the *Su(var)3-9* mutant and the *Activin* mutant, enriched in the lamin-associated heterochromatin. This suggests that both TGF- β /Activin signaling and the methyltransferases participate in heterochromatin regulation on carbohydrate-rich diets in the wild-type *Dmel*. Additionally, *Su(var)3-9* mutant and *Dsec* displayed aberrant epithelial cells in their gastrointestinal tract, suggesting that the dysfunctional chromatin regulation exerts deleterious effects at the tissue level. Collectively, we propose that robust epigenetic regulation across diverse nutritional environments contributes to the strong adaptability observed in the generalist species.

10:20~10:35 S7-2 Relationship between the eucalypt food selection and the gut microbiome of koalas

Kotaro Kondo¹ ○

¹Graduate School of Environmental Science, Hokkaido University, Sapporo, Hokkaido, Japan

Animals can adapt to their environments to survive by interacting with various symbiotic microorganisms. The gut bacterial microbiome, the community of bacteria living in the gastrointestinal tract, plays a crucial role in feeding. Contributions of gut microbiome to feeding, leading to synthesis of essential nutrients, digestion, and detoxification, are diverse and must be considered in terms of ecology and evolution of feeding.

A link between host and microbiome is particularly strong in an Australian marsupial, the koala (*Phascolarctos cinereus*). Koalas rely on eucalypt leaves for their diet, which are highly toxic. There are also individual and regional differences in koalas' choice of different types of eucalypt leaves. It is known that the koala gut microbiome aids in koalas' digestion and detoxification of eucalypt. In addition, infant koalas inherit their mothers' gut microbiome by ingesting their mother's cecal feces. We therefore hypothesized that regional differences in the gut microbiome passed from mother to offspring might generate diversity in dietary selection. In this study, we analyzed maternal origin, eucalypt diet selection, and 16S-based gut bacterial microbiome in captive koalas to reveal the relationships between gut microbiome and eucalypt diet selection among koalas from different regional origins.

10:35~10:50 S7-3 Feeding the infant gut microbiome: How human milk oligosaccharides in breastmilk structure bifidobacterial communities

乳児と乳児腸内細菌叢を育む母乳：ヒトミルクオリゴ糖による
ビフィズス菌コミュニティの構築

Miriam N. Ojima¹ ○, Lin Jiang², Aleksandr A. Arzamasov³, Keisuke Yoshida⁴, Toshitaka Odamaki⁴, Jinzhong Xiao⁴, Aruto Nakajima¹, Motomitsu Kitaoka⁵, Junko Hirose⁶, Tadasu Urashima⁷, Toshihiko

Katoh¹, Aina Gotoh¹, Douwe van Sinderen⁸, Dmitry A. Rodionov³, Andrei L. Osterman³, Mikiyasu Sakanaka¹, Takane Katayama¹

¹Graduate School of Biostudies, Kyoto Univ., ²School of Biological Sciences, Georgia Institute of Technology, ³Sanford Burnham Prebys Medical Discovery Institute, ⁴Next Generation Science Institute, Morinaga Milk Industry Co., Ltd., ⁵Faculty of Agriculture, Niigata Univ., ⁶Department of Food and Nutrition, Kyoto Women's Univ., ⁷Department of Food and Life Science, Obihiro Univ. of Agriculture and Veterinary Medicine, ⁸APC Microbiome Ireland and School of Microbiology, Univ. College Cork

Breastmilk is one of the first food sources that infants consume, and it not only fulfills an infant's nutritional requirements during the first 6 months of life but also promotes the growth of beneficial bacteria like bifidobacteria. Bifidobacteria are avid utilizers of human milk oligosaccharides (HMOs) found in breastmilk, an ability they have likely gained through evolutionary adaptation. However, little is known about how bifidobacterial communities assemble. Here, by applying assembly theory to a community of four representative infant-gut associated *Bifidobacterium* species that employ varied strategies for HMO consumption, we show that arrival order and sugar consumption phenotypes significantly affected community formation. *Bifidobacterium bifidum* and *Bifidobacterium longum* subsp. *infantis*, two avid HMO consumers, dominate through inhibitory priority effects. On the other hand, *Bifidobacterium breve*, a species with limited HMO-utilization ability, can benefit from facilitative priority effects and dominates by utilizing fucose, an HMO degradant not utilized by the other bifidobacterial species. Analysis of publicly available breastfed infant faecal metagenome data showed the observed trends for *B. breve* were consistent with our in vitro data, suggesting that priority effects may have contributed to its dominance. Our study highlights the importance of initial community assembly and its implications for the maturational trajectory of the infant gut microbiota.

10:50~11:05 S7-4 **Dramatic Dietary Shift Maintains Sequestered Toxins in Chemically Defended Snakes**

ヤマカガシ属ヘビの食性進化に伴う毒源のシフト

Takato Inoue¹ ○

¹Nagoya Univ.

Unlike other snakes, most species of *Rhabdophis* possess glands in their dorsal skin, sometimes limited to the neck, known as nucho-dorsal and nuchal glands, respectively. Those glands contain potent cardiotoxic steroids known as bufadienolides (BDs), which are deployed as defense against predators. Among animals BDs otherwise occur only in toads (Bufonidae) and some fireflies (Lampyrinae), which are known or believed to synthesize the toxins. Main diet of *Rhabdophis* species consists of anurans, and the BDs of anuran-eating species are sequestered from toads consumed as prey. However, *R. chiwen*, a species of a derived clade, is presumed to have evolutionarily shifted its primary diet

from anurans to earthworms. We confirmed that this worm-eating snake possesses BDs in its nucho-dorsal glands, although the worms themselves lack such toxins. In addition, we revealed, through feeding experiments, stomach content analyses, chemosensory preference tests, and chemical analyses, that firefly larvae having BDs are regularly consumed by the snake, the snake discriminates fireflies with BDs from those without BDs, and the snake possesses compounds that resemble the distinctive BDs of fireflies, not those of toads, in stereochemistry, glycosylation, acetylation, and molecular weight. We concluded that the BDs of *R. chiwen* are obtained primarily from fireflies.

11:05~11:20 S7-5 Molecular landscape of parallel evolution in hypertrophied-lip cichlids:

An integrative comparative analysis of histology, proteomics, and transcriptomics

平行進化した唇肥大化シクリッドの分子実態

—組織・タンパク質・遺伝子発現の統合的比較解析—

Nagatoshi Machii¹ ○, Ryo Hatashima¹, Tatsuya Niwa^{1, 2}, Hideki Taguchi^{1, 2}, Ismael A. Kimirei³, Hillary D. J. Mrosso⁴, Mitsuto Aibara¹, Tatsuki Nagasawa¹, Masato Nikaido¹

¹School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology, Tokyo, Japan, ²Cell Biology Center, Institute of Innovative Research, Tokyo Institute of Technology, Yokohama, Japan, ³Tanzania Fisheries Research Institute (TAFIRI), Dar es Salaam, Tanzania, ⁴Tanzania Fisheries Research Institute (TAFIRI), Mwanza Fisheries Research Center, Mwanza, Tanzania

Cichlid fishes inhabiting the East African Great Lakes, Victoria, Malawi, and Tanganyika, are textbook examples of parallel evolution, as they have acquired similar traits independently in each of the three lakes during the process of adaptive radiation. In particular, “hypertrophied lip” has been highlighted as a prominent example of parallel evolution and dietary adaptation. However, the underlying molecular mechanisms remain poorly understood. In this study, we conducted an integrated comparative analysis between the hypertrophied and normal lips of cichlids across three lakes based on histology, proteomics, and transcriptomics. Histological and proteomic analyses revealed that the hypertrophied lips were characterized by enlargement of the proteoglycan-rich layer, in which versican and periostin proteins were abundant. Transcriptome analysis revealed that the expression of extracellular matrix-related genes, including collagens, glycoproteins and proteoglycans, was higher in hypertrophied lips, regardless of their phylogenetic relationships. In addition, we also observed proteoglycan accumulation and collagen decrease during development of hypertrophied lips. Our comprehensive analyses showed that hypertrophied lips of the three different phylogenetic origins can be explained by similar proteomic and transcriptomic profiles, which may provide important clues into the molecular mechanisms underlying phenotypic parallelisms in East African cichlids.

11:20~11:35 S7-6 Shark and ray T2Rs illuminate the evolutionary origins of bitter taste

receptors in vertebrates

Akihiro Itoigawa¹ ○

¹Meiji Univ.

Detection of harmful substances in feeding activities is critical to the survival of animals. These substances are often recognized by type 2 taste receptors (T2Rs) known as bitter taste receptors in many vertebrates, leading to aversive behavior. Most chemosensory receptors including olfactory receptors and sweet/umami taste receptors have been found in jawed vertebrates, whereas so far T2Rs have been found only in bony vertebrates (jawed vertebrates except for cartilaginous fish), raising the question whether only T2Rs appeared later. From late 2023 to early 2024, several research teams including us have reported novel T2Rs in sharks and rays. This finding indicates the early origin of T2Rs in the common ancestor of jawed vertebrates. In this talk, I will present the latest research advances on the evolutionary origin of bitter taste receptors from both genetic and functional aspects, providing an opportunity to discuss the origin of the vertebrate taste system.

11:35~12:00 **General discussion**

Masato Nikaido¹ ○

¹Tokyo Institute of Technology

S8 木村の 2 変数法に始まる 塩基置換研究の現在

日時	8月23日 10:00~12:00
会場	14号館2階 C会場 (14-201)
企画者	田村 浩一郎 (東京都立大学) 河合 洋介 (国立国際医療研究センター)
言語	日本語
司会	田村 浩一郎 (東京都立大学) 河合 洋介 (国立国際医療研究センター)

「分子進化の中立論」で名を馳せた木村資生博士は、分子進化・分子系統学では「木村の 2 変数法」でも有名である。塩基配列の比較から進化過程で生じた塩基置換数を推定する方法は、Jukes & Cantor が最初に考案したが、木村の 2 変数法は実際の塩基置換パターンを考慮する方法としてはじめて提案され、以後の塩基置換に関する理論的研究の先駆けとなった。本シンポジウムでは、5 人の講演者が木村の 2 変数法に始まり最先端の塩基置換研究を紹介する。

10:00~10:05 **Introduction**

田村 浩一郎¹ ○

¹ 東京都立大学

10:05~10:25 S8-1 **分子系統解析のための塩基置換パターン推定と多重置換数補正**

**Estimation of substitution pattern and multiple hit correction for
molecular phylogenetic analysis**

田村 浩一郎¹ ○

¹ 都立大・院理

相同な DNA の塩基配列やタンパク質のアミノ酸配列を比較すると、通常、配列間で異なる座位が観察される。系統解析では、この配列間の差異数からそれらの配列の進化過程で生じた塩基置換数を推定する。塩基置換数の推定は多重置換数補正とも呼ばれるが、実際の塩基置換パターンを考慮した適切な置換モデルを用いることは、正しい系統樹の推定や分子時計による分岐年代推定には必須の条件である。木村の 2 変数モデルでは、トランジションとトランスバーションの置換率を分けたが、実際の塩基置換パターンを考慮した最初の一歩とすることができる。本講演では、ヒトの mtDNA やショウジョウバエのタンパク質コード

遺伝子を例として、実際の塩基置換パターンの複雑さ、それらに対応した塩基置換数推定法の開発と分岐年代推定の実践例を紹介する。さらに、系統間で塩基置換速度が異なる場合においても分子時計を用いた分岐年代推定を可能にする方法についても紹介したい。

10:25~10:45 S8-2 酵素が引き起こす突然変異を時間非対称モデルで解析する

Analyzing Enzyme-Induced Mutations Using a Time-Irreversible Model

三澤 計治^{1,2} ○

¹横浜市大医学部、²理研

本研究では、二つの酵素が関与する突然変異に焦点を当てる。一つ目は、APOBEC3 酵素が引き起こすシトシン (C) の脱アミノ化である。C が脱アミノ化されるとウラシル(U)へと変化する。DNA では、修復機構により U は除去されるが、新型コロナウイルスのような一本鎖 RNA ウイルスでは、修復機構が働かず、C から U への変化は突然変異を引き起こす。二つ目は、DNMT による C のメチル化である。メチル C は脱アミノ化されるとチミン (T) へと変化する。DNA 修復の過程で T は除去されないため、メチル C から T への変化は突然変異を引き起こす。C から T への突然変異はヒトゲノム上で数多く生じている。酵素が引き起こす突然変異は、詳細釣り合い条件を満たさないため、時間対称置換モデルでは扱えない。そこで我々は時間非対称な塩基置換モデルを作成した。さらに、観測された塩基配列の変化とモデルの予測が一致することを示した。

10:45~11:05 S8-3 異なる宿主域を持つ IncP-1 プラスミドの塩基組成の定常性評価

Assessing Stationarity of Nucleotide Composition of IncP-1 Plasmids With Varying Host Range

鈴木 治夫¹ ○

¹慶應義塾大学

プラスミドは細菌間の薬剤耐性遺伝子の水平伝播に関与する可動性遺伝因子である。不和合性グループ P-1 (IncP-1) に属するプラスミド [Yano et al. (2018) PMID: 30619542] は、一般に宿主域が広いと考えられているが、宿主域はサブグループによって異なる。プラスミドは宿主の塩基組成を獲得するという仮説 amelioration があるが、その定常性 (塩基置換が平衡にあるか) は不明である。本研究は、IncP-1 プラスミドに保存された単一コピー遺伝子を用いて、系統解析のモデルにおかれている定常性 (時間が経過しても塩基・アミノ酸の頻度が一定であること) の仮定を評価した。その結果、塩基配列データは、アミノ酸配列データよりも定常性の仮定に反する頻度が高いことが示された。これは、プラスミドの塩基組成が宿主の塩基組成に向かって変化し続けている可能性を示唆する。

11:05~11:25 S8-4 がんにおける変異の特徴(mutational signature)の解析

Analysis of the mutational signature in the cancer genome

藤本 明洋¹○

¹ 東大・院医

がん細胞のゲノムには多くの体細胞変異が生じている。体細胞変異は、内因性の DNA 損傷、突然変異源への暴露など、さまざまな要因の影響を受ける。変異のパターンから変異生成メカニズムを推定するために変異の特徴が解析されている。この解析では、特定の組み合わせ (mutational signature) が複数存在し、各個体の変異パターンを生成していると考えられる。変異のパターン (C>T などの 6 種類) と前後の塩基 (各 4 種類) を考慮して変異を 96 種類に分類し、mutational signature と各サンプルにおける各 mutational signature の割合を推定する。これまで、mutational signature と年齢、変異源 (紫外線、タバコ、抗癌剤など)、遺伝子変異との関連が検出されてきた。このような解析により、個々のがんの生物学的、臨床的な理解が深まり、治療法選択の幅が広がると考えられる。

11:25~11:45 S8-5 ヒトゲノムにおける塩基置換の対称性の検証

Revisiting of nucleotide substitution symmetry in the human genome

河合 洋介¹○

¹ 国立国際医療研究セ

DNA を構成する塩基は 4 種類なので、単一の塩基の置換は 4x4 の行列で最大 12 個のパラメーターを持つモデルで表すことができる。突然変異の原因となる化学的な修飾が DNA の 2 本鎖の間で等確率で生じるのであれば、相補的な塩基間の置換速度は見かけ上等しくなる。その場合は置換行列のパラメータは 6 個に縮約される。このような塩基置換の平衡状態では相補的な塩基の頻度が等しくなる (A=T, G=C)。ヒトゲノムではほとんどの領域においてこの対称性が成り立っているように見える。日本人の全ゲノム解析データから改めてヒトゲノムにおける塩基置換の対称性を検証する。

11:45~12:00 まとめ、総合討論

S9 動物の集団性の進化を探る： ゲノム、神経からロボティクスまで

日時 8月23日 10:00~12:00
会場 14号館2階 D会場 (14-202)
企画者 佐藤 大気 (千葉大学)
田中 良弥 (名古屋大学)
言語 日本語
司会 佐藤 大気 (千葉大学)
田中 良弥 (名古屋大学)

近年の分子生物学、神経科学、そしてゲノミクスの発展により、「なぜ生物は群れるのか」という問いに対する至近的な理解が可能となってきた。本シンポジウムでは様々な動物種を対象に個体間相互作用や集団行動の神経遺伝学的基盤の解明に取り組んできた研究者を招き、生物種横断的に集団性のメカニズムとその進化過程を追うとともに、その重要性和課題について理解を深める。また、進化生物学の大目標である「なぜ」に対する理解から得られた知見をそこで留めることなく、応用研究へとつなげる可能性についても議論する。

10:00~10:05 趣旨説明

10:05~10:25 S9-1 ショウジョウバエにおける対捕食者集団行動の神経・ゲノム基盤 Neurogenomic underpinnings of collective antipredator performance in *Drosophila*

佐藤大気^{1,2} ○, 高橋佑磨²

¹千葉大・IAAR, ²千葉大・院理

動物の集団行動は多くの研究者を魅了し、それを生み出す個体の行動原理について盛んに研究がなされてきた一方で、その背後にある神経遺伝学的基盤は明らかでない。本研究では、キイロショウジョウバエを題材に、周囲の他個体の視覚的手がかりが恐怖反応を軽減するという現象に着目した。遺伝的に多様な 104 系統を用いた行動実験とゲノムワイド関連解析、そして機能解析により、この現象に関わる候補遺伝子および神経群を発見した。また、異なる系統からなる混成集団を用いた実験を行なったところ、個体間の行動異質性が集団の捕食回避に非相加的に寄与する可能性が明らかとなった。さらに我々は、こうした集団レベルの現象に対する新しいアプローチとしてゲノムワイド高次関連解析 (GHAS) を提唱し、多様性効果に寄与する遺伝子座を特定した。本発表では、集団行動のメカニズムと進化過程

の理解に向けて、ゲノミクスの視点からの新たな展開を提案する。

10:26~10:41 S9-2 ショウジョウバエを用いた群れ行動を制御する遺伝子・神経機構の解明

Genetic and neural mechanisms that regulate grouping behavior
in *Drosophila*

野崎 友花¹○, 川嶋 宏彰², 山ノ内 勇斗¹, 上川内 あづさ¹, 田中 良弥¹

¹名大・院理、²兵庫県立大・情報

群れ行動は多くの生物で見られる生存戦略であり、群れを作るか否かは種ごとに決定される。群れるか否かを決める上で、ある個体が他個体に近づくか・離れるかといった個体間距離の決定が重要であると考えられている。しかし、種ごとの個体間距離を決める遺伝・神経機構の全容は明らかになってない。本研究では行動遺伝学のモデル種であるキイロショウジョウバエ（以下キイロとする。）とその同属種を用いてこの問いに迫る。キイロはあまり群れを作らず個体間距離が大きい種であることが分かっている。一方、集団行動解析の結果、同属種には個体間距離が非常に短く盛んに群れる種を発見したことで、群れ行動について種間比較研究への道を開拓した。さらに、キイロの脳内に存在する特定のニューロンを活性化させ、人為的に群れ形成を誘導することに成功した。今後はこのニューロンが、どのように個体間距離を制御し、種間の違いに関与しているのかを検証したい。

10:42~11:02 S9-3 小型魚類を用いた集団行動の神経基盤の理解へ

Proving the neuronal basis for fish collective behavior

津田 佐知子¹○

¹埼玉大・院理工

動物には広く群れを成した移動が知られるが、とりわけ魚類は顕著な集団行動を示す。集団行動は視覚や嗅覚などを介した多感覚的な現象であるが、その神経基盤については不明な点が多い。そこで、神経回路や行動解析に適したゼブラフィッシュを用い、感覚運動統合や認知などへの機能が知られる小脳に注目し、集団行動の制御機構の理解を目指した。まず、野生型、および小脳機能異常を有するゼブラフィッシュ集団の行動観察を行った結果、小脳異常群において、個体間の接近回数が有意に減少するといった群れパターンの異常が見られた。一方、運動機能には明確な異常は見られなかった。また、深層学習および three chamber test より、小脳異常群において個体間相互作用の低下が見られ、小脳が集団内の個体間相互作用に関与し、群れ形成を制御することが示唆された。以上に加え魚類での広域脳活動イメージングを用いた取り組みについても紹介したい。

11:03~11:23 S9-4 観察恐怖における腹内側前頭前野の機能と自他の神経表象

Neural representation of self- and other-states in the vmPFC
during observational fear

黄 子彦^{1,2} ○, 奥山 輝大^{1,2}

¹東大・院医, ²東大・定量研

恐怖を感じている他者を観察すると、観察者においても恐怖反応が誘発される現象は情動伝染の一例として、多くの動物種で見られ、進化学的に保存された現象である。実験室では観察恐怖タスクを用いてこの現象を再現でき、げっ歯類では他者が電気ショックを与えられた様子を観察することで、観察者の恐怖反応が引き起こされる。本研究では観察マウスの行動を自動分類した上で、観察マウスの腹内側前頭野(vmPFC)および前帯状皮質(ACC)と基底外側扁桃核(BLA)から vmPFC への入力の機能と神経表現を探索した。vmPFC の神経活動および ACC と BLA から vmPFC への神経入力を光遺伝学的に抑制すると、逃避行動が変化した。また、in vivo カルシウムイメージングにより、vmPFC の神経活動は自己の恐怖のみならず他者の恐怖の情報をも有し、この自他の恐怖の同時表現には ACC と BLA からの神経入力に寄与することが示唆された。

11:24~11:44 S9-5 鳥類の個体間・母子間コミュニケーション

Inter-individual and chick-hen communications in birds

新村 毅¹ ○

¹農工大・農

本講演では、ニワトリの音声コミュニケーションを題材として、【1】個体間と【2】母子間という2つのテーマを紹介する。【1】は、ニワトリのコケコッコー (Crowing) に着目し、そのタイミングが体内時計と社会的順位によって決定されていることを明らかにしている。【2】は、母子間の音声コミュニケーションに着目したもので、深層学習によってヒナと母鶏の音声パターンを自動判別し、その時系列解析によって、明瞭な音声を用いた母子間コミュニケーションが存在することを明らかにした。さらに、このような音声コミュニケーションをコンピューター上で再現する技術を開発した。このように、動物の状態を「把握」と共に「制御」し、それらを連動させることで、動物とのリアルタイムな会話を実現しうる Animal Computer Interaction の技術開発に取り組んでいる。本講演では、これらの研究について、最新のデータも含めて紹介する。

11:45~12:00 **まとめ 及び 質疑応答**

ワークショップ

Workshops

W1 完新世の地球科学と進化学

日時	8月21日 15:00~17:00
会場	14号館1階 B会場 (14-104)
企画者	岸田 拓士 (日本大学) 三澤 計治 (横浜市立大学)
言語	日本語
司会	岸田 拓士 (日本大学) 三澤 計治 (横浜市立大学)

およそ1万2千年前に始まる完新世は、人類の文明興隆の時代であり、化石のみならず考古学的な遺物も豊富に残されている。またこの時代は、誤差ゼロ年で年代を特定できる年輪編年をはじめとして放射性炭素同位体比などを利用した高精度年代測定も可能であり、過去を理解する上で他の地質時代よりはるかに恵まれた条件にある。高精度に推定された年代を用いることで、進化的変化を時間軸にそって正確に理解できることが期待される。本シンポジウムでは、完新世の生物学・地球科学に関する研究を紹介し、この時代を背景とした進化生物学研究の可能性を探りたい。

15:00~15:10 趣旨説明

岸田 拓士¹○

¹ 日大・生物資源

15:10~15:30 W1-1 名古屋大学 AMS 炭素 14 年代測定の現状と完新世研究への応用

The status of radiocarbon (¹⁴C) dating using Accelerator Mass Spectrometry (AMS) at Nagoya University and its application to Holocene environmental research

北川 浩之¹○

¹ 名大・宇宙地球環境研究所

Space-Earth Environmental Research in Nagoya University (ISEE) operates the 3MV Tandatron Accelerator Mass Spectrometry System (ISEE-AMS) to promote Earth and space science research and to meet the needs of various research fields, including archaeology. ISEE-AMS is particularly focused on studies of natural environmental changes and human activities in the Holocene period. For example, high-resolution dating in the Middle East and eastern Asia and analysis of past cosmic ray variations. It also contributes to the dating of archaeological samples, making it a crucial instrument for the advancement of diverse research fields. This presentation will introduce the status of ISEE-AMS and

the latest research cases.

15:30~15:50 W1-2 過去を解き明かす：完新統を用いた堆積環境の変化の高精度解析

Unlocking the Past: High-Resolution Insights into Holocene Sediment Changes

中西 利典¹ ○

¹ 富士ミュー

完新世に形成された地層は「完新統」と呼ばれ、古環境の変化や自然災害史を知るために用いられてきた。完新世初期において日本周辺の海水準は現在よりも 100m 程度低く、その後の「縄文海進」を生じさせた海水準の上昇とそれに続く微変動によって、最終氷期最盛期までに形成された開析谷は川や海の影響を受けながら徐々に埋め立てられた。その結果、我が国の完新統は、下位から河成堆積物、海成堆積物、河成堆積物の順で累重していることが多い。これら検討はボーリングコアを用いて、堆積物の粒度組成や砂粒組成、堆積構造、含有物等に基づく堆積相解析、貝や珪藻、有孔虫、花粉等の古生物の群集組成による古環境解析、放射性炭素や光ルミネッセンス、広域火山灰等を用いた編年などの方法で実施されている。こうした研究に古代 DNA の解析技術を適用すれば、様々な波及効果が期待できるので発表者の研究事例の一部を紹介する。

15:50~16:10 W1-3 日本沿岸におけるイルカ類の集団構造の変遷

Changes of small odontocete populations around Japan during the Holocene

岸田 拓士¹ ○

¹ 日大・生物資源

北海道の道東から関東・北陸地方にかけて分布する縄文時代の貝塚の多くからイルカの骨が多数出土する。これら海獣類の骨は、古いものでは縄文早期およそ 1 万年前にまで遡るものもあり、完新世の初期からこれらの地域では捕鯨活動が行われていたことが示唆される。貝塚に残されたイルカの骨は何を物語るのか。東京湾や北海道などの縄文時代の貝塚から出土したイルカの骨から DNA およびコラーゲン抽出を行い、mtDNA ハプロタイプの決定と放射性炭素年代測定を行った。最も古いサンプルでは、東京湾周辺から出土した縄文早期およそ 8 千年前の骨からの DNA 抽出に成功した。また、mtDNA ハプロタイプの時代ごとの変遷からは、骨の出土状況だけでは分からなかった隠れた集団の入れ替わりなどが示唆された。こうした研究成果を報告する

16:10~16:30 W1-4 古代のメタゲノムデータから探索する古代ウイルス・細菌

Exploring ancient viruses and bacteria from ancient metagenomic data

西村瑠佳¹ ○, 井ノ上逸朗²

¹ 東大・医科研, ² 遺伝研

近年のゲノム解析技術の発展により、古代 DNA の解析が可能となった。特に、大規模に古代 DNA を解析することによって古代人だけでなく、古代人体内に存在したウイルスや細菌のゲノム配列も調べる事が可能である。例えば、古代人の歯や糞石中の古代 DNA を網羅的に調べるにより、古代人体内のウイルス・細菌の存在を明らかにすることができる。これら微生物叢の解析を通じて現代人の微生物叢との違いなどがわかるだけでなく、古代人の健康状態や長期的なウイルス進化などの推定が可能である。本発表では縄文時代の糞石や歯髄から取得された古代 DNA のメタゲノム解析によって同定された古代ウイルス・細菌を紹介するとともに、これらのゲノム配列を用いたウイルス叢解析や進化解析などについて議論する。

16:30~16:50 W1-5 我々は進化を目撃した・・・新型コロナウイルスの事例

We Witnessed Evolution: The Case of SARS-CoV-2

三澤 計治^{1,2} ○

¹横浜市大医学部、²理研

新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)は全世界でパンデミックを引き起こした。被害を食い止めるため、世界各地でこのウイルスの研究が行われている。ウイルスゲノムの突然変異率の推定値は、新規株の出現予想やワクチン開発のための基礎情報となり得る。我々はデータベース GISAID に登録されている SARS-CoV-2 のゲノム配列を解析した。2019 年 12 月 31 日に配列決定された 1 株を祖先配列とみなし、2 年後の 2021 年 12 月 31 日まで、半年ごとに選んだ合計 9,157 本の配列を比較した。SARS-CoV-2 の C から U への置換率は、1 サイトあたり毎日 0.71 ± 0.18 であり、それ以外のタイプの置換では 1 サイトあたり毎日 0.054 ± 0.027 であった。塩基置換率は大陸ごとに大きな差は見られなかった。この成果は Misawa and Ootsuki (2024)で発表された。

16:50~17:00 総合討論

三澤 計治^{1,2} ○

¹横浜市大医学部、²理研

W2 さまよう遺伝子と宿主の進化： ウイルス・トランスポゾンからの視点

日時 8月22日 10:30～11:30
会場 14号館1階 B会場 (14-104)
企画者 北尾 晃一 (名古屋大学)
言語 日本語
司会 北尾 晃一 (名古屋大学)
小出 りえ (理化学研究所)

生物ゲノムには多くのウイルス・トランスポゾン配列が存在している。彼らはさまよう遺伝子としてゲノムの中を、時には種を超えてゲノムを横断し宿主に影響を与えてきた。近年のゲノム解読の進展により、モデル生物を超えた多様性と未知の機能の存在が明らかになりつつある。本企画では、さまよう遺伝子を軸とした多様な生命現象の理解に向けて、発生、病理、系統、免疫などそれぞれの観点で行われている研究を交えて議論したい。

10:30~10:45 W2-1 単孔類ゲノムにおける内在性レトロウイルスのダイナミックな進化

Dynamic evolution of endogenous retroviruses in monotreme genomes

北尾 晃一¹○, 中川 草²

¹名大・院生命農、²東海大・医

内在性レトロウイルス (ERV) は太古に感染したレトロウイルスのゲノム上の痕跡配列である。ERV のタンパク質は新しい宿主遺伝子として流用されることがある。例えば有胎盤類では ERV のエンベロープタンパク質が胎盤形成における細胞融合に寄与している。我々が卵生哺乳類の単孔類のエンベロープタンパク質に着目して解析した結果、ハリモグラのゲノムには 100 以上のエンベロープ遺伝子が存在しており、一部は組織で発現していることが明らかとなった。さらにコードされるタンパク質は細胞融合能を持っていた。単孔類でエンベロープタンパク質が生理的機能を持っているのか、もしくは発現や融合能が抑制されているは今後の研究課題である。進化における胎盤誕生の過程を完全に知ることは不可能であるが、胎盤をもたない単孔類でエンベロープタンパク質がどのように制御されているのかを知ることで、その解明の一端を担えるかもしれない。

10:45~11:00 W2-2 内在性ニマウイルス：甲殻類ゲノムの反復領域に住まう者たち

Endogenous nimaviruses:

inhabitants of repetitive DNA in crustacean genomes

Satoshi Kawato¹ ○, Kaoru Kaida², Wataru Suda², Shohei Kojima², Nicholas Parrish², Tomoyuki Okutsu³, Kyonoshin Maruyama³, Nobuhiro Takemae¹, Tsutomu Kageyama¹, Takuma Sugaya⁴, Motoshige Yasuike⁴, Ikuo Hirono⁵

¹National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan, ²RIKEN Center for Integrative Medical Sciences, Yokohama, Japan, ³Japan International Research Center for Agricultural Sciences, Tsukuba, Japan, ⁴Japan Fisheries Research and Education Agency, Yokohama, Japan, ⁵Tokyo Univ. of Marine Science and Technology, Tokyo, Japan

The genomes of crustaceans, such as shrimp, crabs, and isopods, often harbor sequences originating from large DNA viruses belonging to the family Nimaviridae. Endogenous nimaviruses typically exist as multi-copy elements in host genomes, with some species containing over 100 copies per haploid genome. How can they exist in such high copy numbers?

Genomic analyses revealed that each nimavirus species inserts into specific microsatellite motifs or 28S rDNA. The insertion preference was associated with the type of virus-encoded DNA recombination enzymes, the integrases. This suggests that endogenous nimaviruses have colonized various genomic "niches" by acquiring integrases with different insertion specificities.

WSSV and CoBV, the two known exogenous nimaviruses infecting shrimp and crabs, lack integrases. This reveals two contrasting survival strategies: exogenous nimaviruses are characterized by acute, often lethal, infection and spread by horizontal transmission. By contrast, endogenous nimaviruses persist as a benign freeloader inhabiting the redundant parts of the host genome, relying on vertical transmission. The gain and loss of integrases may have driven switching between endogenous and exogenous lifestyles.

While isolating and culturing endogenous viruses or experimentally verifying integrase activity remains challenging, future research on endogenous nimaviruses promises to shed light on virus-host coevolution and the dynamics of pathogen emergence.

11:00~11:15 W2-3 Immune response to endogenous human herpesvirus 6

in autoimmune disease patients

小出 りえ¹ ○, 小嶋 将平¹, 佐々 暢垂^{1,2,3}, 岡田 随象^{1,2,3}, ニコラス パリッシュ¹

¹理研・IMS, ²東大・院医, ³阪大・院医

内在性ヒトヘルペスウイルス 6 (eHHV-6) は、約 0.5% のヒトゲノムに存在するヒトヘルペスウイルス 6 配列である。eHHV-6 は、ヒトの進化過程で獲得されたウイルス由来配列であるが、その生理的意義や疾患との関連はほとんど解明されていない。本研究では、20 万人規模のバイオバンクの解析から、eHHV-6 キャリアと自己免疫疾患が統計的に関連することを見出した。また、先行研究において eHHV-6 キャリアが健常者の 10 倍以上の抗 HHV-6B 抗体価を有することが示されていたことから、eHHV-6 が抗ウイルス免疫を惹起する可能性

を着想し、全身性エリテマトーデス（SLE）患者の血清・血漿を用いたエピトープマッピングを行った。その結果、SLE 患者において eHHV-6B に対する特異的な免疫反応が存在することが明らかとなり、この免疫反応が SLE の発症・重症化に寄与する可能性が示唆された。本研究結果は、比較的近年に獲得されたウイルス由来配列の生理的意義を解明する上で重要な知見となると考えられる。

11:15~11:30 W2-4 脊椎動物間で生じる転移因子水平伝播の地理的特異性と発生様式

Geographic specificity in horizontal transfer of transposable elements

神林 千晶¹ ○

¹新潟大・理

一般に生物の遺伝情報は親から子へ受け継がれるが、その一方で、全く異なる生物間で遺伝子が飛び移る現象が知られる。この「遺伝子の水平伝播」は細菌や単細胞生物の間では頻繁に生じており、進化を駆動する原動力の一つと考えられている。最近ではゲノム解析の進展により高等な動物間でも伝播の事例が報告されてきているが、未だサンプルの制限が大きく、その発生傾向や経路については不明瞭であった。近年、講演者のグループは LINE レトロトランスポゾン的一种がヘビからカエルへ水平伝播していることを発見した。この転移因子は大陸横断的に収集したカエルの約 3 割から検出され、伝播先のカエルゲノムで最大 0.5% を占めるまでに増幅していた。また、この水平伝播は世界各地で何度も生じており、その発生頻度には明確な地域性があることが分かった。本講演では、この脊椎動物間で生じる水平伝播の地理的傾向や、想定される発生経路について紹介したい。

W3 Diversification and evolution of animals in Sulawesi Island, Wallacea

Date	August 22, 2024; 10:30~11:30
Room	Building 14 1F Room A (14-103)
Organizer	Hiroo Imai (Kyoto Univ.), Yohey Terai (SOKENDAI)
Language	English
Chair	Hiroo Imai (Kyoto Univ.)

Wallacea is a biogeographical designation for a group of mainly Indonesian islands separated by deep-water straits from the Asian and Australian continental shelves. Sulawesi, the largest island in the group, shows extreme biodiversity even though it is half the area compared to Japan. For example, there are 7 species of macaques in Sulawesi while only 1 species in Japan. There are ~20 species of medaka fish in Sulawesi, while 2 species in Japan. In this workshop, we will discuss on the molecular mechanisms of the speciation of the animals in Sulawesi, to furthering the comprehensive study including plants and geographical backgrounds.

10:30~10:40 W3-1 Introduction: the species diversity in Sulawesi

Yohey Terai¹ ○

¹SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies), Research Center for Integrative Evolutionary Science

The island of Sulawesi in Indonesia is separated from other islands by the sea. Geological studies suggest that the island was shaped around 1 million years ago. Since Sulawesi has not been connected to any other land since its formation, many unique species have evolved. In this workshop, we will present the latest research focusing on the macaques and medaka fish endemic to Sulawesi.

10:40~10:55 W3-2 Into the Darkness: transcriptome insights into melanism evolution in Sulawesi endemic macaques

XiaoXiaochan Yan¹ ○, Yohey Terai², Kanthi Arum Widayati³, Akihiro Itoigawa⁴, Bambang Suryobroto³, Hiroo Imai¹

¹Center for the Evolutionary Origins of Human Behavior, Kyoto University, ²Department of Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies, ³Department of Biology, IPB University, ⁴Department of Agricultural Chemistry, School of Agriculture, Meiji University

Macaques is the most widespread primate aside from humans. Among the 23 *Macaca* species, Sulawesi macaques have rapidly diverged, exhibiting exceptional variability in coat color from the common extant ancestor, *M. nemestrina*. For example, the black monkey (*M. nigra*) exhibits a fully dark coat, distinct from *M. ochreata*, with a brownish two-tone color pattern. Coat coloration is subject to selection in camouflage, heat absorption, and conspecific communication. The distinct dark coat of Sulawesi macaques is considered a necessary adaptation.

To explore the evolutionary basis of melanism, we examined the hair root transcriptome of four individuals each from both *M. nigra* and *M. ochreata*. In *M. nigra*, 571 genes upregulated while 761 genes downregulated compared to the white hair of *M. ochreata*. Upregulated genes were enriched in ribosomal subunit functions. Notably, 106 upregulated genes were involved in the pigmentary system, potentially contributing to melanism in *M. nigra*. Key melanogenesis genes (SOX9, CREB1, TYRP1, and PMEL) were identified. High expression of PMEL might contribute to the formation of fibrillar structures within melanosomes, stabilizing eumelanin production in *M. nigra*. These findings provide insight into the molecular mechanisms underlying coat color variation in Sulawesi macaques.

10:55~11:10 W3-3 Evolution of bitter taste receptor TAS2R38 in Allopatric Species

Sulawesi Macaques

Kanthi Arum Widayati^{1,2} ○, Yan Xiaochan², Nami Suzuki-Hashido³, Akihiro Itoigawa⁴, Fahri Fahri⁵, Yohey Terai⁶, Bambang Suryobroto¹, Hiroo Imai²

¹Department of Biology, IPB University, Bogor, Indonesia, ²Center for the Evolutionary Origins of Human Behavior, Kyoto University, Inuyama, Japan, ³Academy of Emerging Science, Chubu University, Kasugai, Japan, ⁴Department of Agricultural Chemistry, School of Agriculture, Meiji University, Kawasaki, Japan, ⁵Department of Biology, Tadulako University, Palu, Indonesia, ⁶Department of Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies, Hayama, Japan

The complex geological history of Sulawesi Island, comprising Asian and Australian tectonic plates, has contributed to its high faunal endemism. One approach to studying endemism is to examine adaptation characteristics, such as the ability to detect bitterness. Bitter perception in mammals, mediated by TAS2R receptors, is crucial for avoiding toxins. TAS2R38, in particular, detects phenylthiocarbamide (PTC). Previous studies have demonstrated functional divergence of TAS2R38 in four allopatric species of northern and central Sulawesi macaques, leading to the variation in PTC taste perception within and between species. This study extends the investigation to southern species providing a full picture of TAS2R38 diversity in Sulawesi macaques. TAS2R38 was characterized in 22 individuals by both behavioral and genetic experiments from three southern Sulawesi macaque species: *Macaca maurus*, *M. ochreata*, and *M. brunnescens*. Four *M. maurus* and one *M. ochreata* were found to be PTC insensitive. Three PTC-non-sensitive *M. maurus* exhibited a species-specific

R123C substitution. The PTC-non-sensitive *M. ochreata* individual exhibited truncated TAS2R38 due to the unique nucleotide deletions. Functional assays corroborated these findings, indicating functional diversity in TAS2R38 among southern Sulawesi macaques. The haplotype network suggests haplotypes dividing the TAS2R38 gene into two clades, representing south and north Sulawesi, suggesting local environmental adaptation.

11:10~11:25 **W3-4 Diversification of ricefishes in fresh waters of Sulawesi**

Ryo Kakioka¹ , Kazunori Yamahira¹

¹Tropical Biosphere Research Center, University of the Ryukyus

The ricefishes of the family Adrianichthyidae are highly diversified on the island of Sulawesi. Located at the centre of a collision zone of tectonic plates, Sulawesi has two ancient tectonic lake systems. One is the Malili Lake system, consisting of several lakes interconnected with river channels; the other is Lake Poso. Both systems harbour diverse species, many of which are endemics, including ricefishes. While dynamic geological changes on the island are considered to have caused geographical isolations of populations of freshwater organisms and eventual allopatric speciation, these lake systems may have provided ecological opportunities to ricefishes, which could have allowed adaptive speciation. This talk reviews patterns and processes of the genetic divergences and phenotypic diversification of ricefishes in the lakes and rivers of Sulawesi. We especially focus on the evolutionary backgrounds of the Lake Poso ricefish speciation, which has occurred in sympatry. The evolutionary mechanisms and genetic bases for the speciation are discussed based on our morphological, ecological, population genomics and quantitative genetic analyses.

11:25~11:30 **General discussion**

W4 多様なショウジョウバエから解明する 進化のメカニズム

日時	8月22日 12:45~14:45
会場	14号館1階 B会場 (14-104)
企画者	平石 拓海 (東京都立大学) 柄澤 匠 (北海道大学)
言語	日本語
司会	平石 拓海 (東京都立大学) 柄澤 匠 (北海道大学)

キイロショウジョウバエ以外のショウジョウバエには、特有の進化を遂げた種も多い。例えば巨大な前脚を持つ種、水玉模様のある翅を持つ種、繁殖・産卵を花に依存する種などがある。これらの種は、近縁であるキイロショウジョウバエの知見を応用することで、他の昆虫では踏み込めないレベルまで、その進化的メカニズムを解明することができる。本シンポジウムでは、こうした事例を紹介するとともに、非モデルショウジョウバエが持つ研究上の利点なども議論したい。

12:45~12:50 趣旨説明

平石 拓海¹○

¹ 東京都立大学

12:50~13:10 W4-1 Research on specialization of forelegs found in *Drosophila prolongata*

平石 拓海¹○, 坂井 貴臣¹, 朝野 維起¹

¹ 都立大・院理

脚の特殊化はカマキリなどの昆虫で見られるが、それについて分子生物学・遺伝学的レベルで研究した例はほとんどない。本研究は、オスが巨大化した前脚を持つテナガショウジョウバエに着目し、脚が特殊化するメカニズムやその進化過程の解明を目的としている。

本種のオス前脚はオス中脚やメス前脚よりも太く、かつ白黒模様が明瞭であるという特徴を持つ。まずこれらの形態をオス前・中脚、およびメス前・中脚において測定して比較した。その結果、オス前脚は有意に太く、かつ白黒模様も明瞭であることが確認できた。続いて囲蛹殻形成から羽化までの期間を20のステージに分けた。オス前脚の巨大化はステージ4からステージ6にかけて明瞭になり、またステージ15で白黒の模様が視認できることなどが観察された。これらと並行して本種のゲノム情報や性決定遺伝子の配列も取得した。今

後は、脚原基が発生する過程における遺伝子発現の解析を行う予定である。

13:10~13:30 W4-2 ミズタマシヨウジョウバエを用いて新しい模様の進化を
塩基配列レベルで理解する

Understanding the evolution of the new pigmentation pattern
at the sequence-level resolution using *Drosophila guttifera*

柄澤 匠¹ ○, 越川 滋行^{1,2}

¹ 北大・院環境科学, ² 北大・院地球環境

生物が形質を新たに獲得するメカニズムを解明することは進化発生生物学における重要な課題である。先行研究から、遺伝子発現を制御するシス制御領域の進化の重要性が示されてきた一方で、新たな形質をもたらしたシス制御領域の配列の変化を具体的に特定した例はほとんどない。

ミズタマシヨウジョウバエは翅に着色による水玉模様を持つ。この形質は本種に特異的であり、その獲得において *wingless* の発現パターンが変化していることが明らかになっていった。私たちの研究では、モデル生物であるキイロシヨウジョウバエが近縁であることを活かしたアプローチにより、*wingless* のシス制御領域に生じたどのような配列の変化が水玉模様をもたらしたのかを解明してきた。

本発表では、これまでの成果とともに、実験材料としてのミズタマシヨウジョウバエの面白さや evo-devo におけるモデル生物の近縁種を使うことの利点についても紹介する。

13:30~13:50 W4-3 訪花するシヨウジョウバエを用いた花の認識の神経機構の解明

The neural mechanism for flower recognition of flower-visiting *Drosophila*

桂 宗広¹ ○, 川村 康平¹, 藤井 航平¹, 蟻川 謙太郎², 木下 充代², 石川 由希¹

¹ 名古屋大・院理, ² 総研大・統合進化セ

多様な動物が花を訪れる行動を示す。彼らはどのように花を認識するのだろうか。私たちは、訪花しないキイロシヨウジョウバエ（以下キイロ）の近縁種で、訪花するカザリシヨウジョウバエ（以下カザリ）に着目した。カザリはノアサガオに訪花することが知られていたが、それ以外の花にも訪花するのか、またそれらの花をどのように認識して訪花するのかは不明であった。

私たちは、カザリの野外の花への選好性や、花を認識するための鍵刺激、また感覚器の性質を調べた。その結果、カザリは青色のノアサガオのほか、テッポウユリやゲットウという白色の面積が大きい花にも訪花することがわかった。また、訪花する花の色と類似した青や白の円形色紙に着陸すること、またカザリの網膜の分光感度がキイロと部分的に異なることを発見した。これらは、カザリが視覚、特に色の情報で花を認識し、また視覚器が花の認識に適するような進化を遂げていることを示唆している。

13:50~14:10 W4-4 オウトウショウジョウバエの産卵選好性研究及び

ショウジョウバエを対象としたフィールドワーク研究

Study of oviposition preference of *Drosophila suzukii* and
fieldwork of *Drosophila* species

阿久津 純一¹ ○

¹ 大阪府堺市

現在までに世界中で 3000 種以上のショウジョウバエが発見されており研究に用いられることの多いキイロショウジョウバエ以外にも特徴的な性質・特徴を持つショウジョウバエは多く存在し、その生態や形態など興味深い点が多い。そのようなショウジョウバエの中で私はオウトウショウジョウバエ (*Drosophila suzukii*) を研究してきた。本ワークショップでは私が行ってきたオウトウショウジョウバエと他種ショウジョウバエの産卵基質の曲率に対する産卵選好性研究、オウトウショウジョウバエの産卵管形態の多様性研究、また現在行っているショウジョウバエのフィールドワーク研究を発表し、キイロショウジョウバエ以外のショウジョウバエを用いた研究の面白い点や楽しい点を紹介したい。

14:10~14:30 W4-5 ノハラカオジロショウジョウバエ日本集団における

生殖休眠の地理的変異

Geographical variation of reproductive diapause
in *Drosophila triauraria* from Japan populations

藤近 敬子¹ ○, 高橋 文^{1,2}

¹ 都立大・院理, ² 都立大・生命情報セ

生殖休眠とは、昆虫が冬季にエネルギー消費を抑えるために誘導する生理状態を指す。ノハラカオジロショウジョウバエは日本全国に生息し、ゲノム情報も整備されている種で、先行研究では北海道と沖縄由来の系統間で休眠誘導に地理的変異があることが示唆されてきた。しかし、日本列島の様々な気候に本種が適応してきた過程を明らかにするためには、より広範な地域由来の系統を用いて休眠誘導条件を精査する必要がある。本研究では本州や九州を含む地域由来の 21 系統について、異なる温度における長日・短日条件下で生殖休眠の状態を観察した。結果、地域によって温度への反応性が異なり、これは生息地域の気候に適応した結果であると考えられた。また、休眠誘導に大きな地域差があるにも関わらず、ゲノム解析結果からは、地域集団間の遺伝的分化は小さく、集団間で分化しているゲノム領域はごく一部であることが明らかになった。

14:30~14:45

総合討論

W5 パンゲノム解析から見出される ゲノム多様性

日時	8月22日 15:00~17:00
会場	14号館1階 B会場 (14-104)
企画者	花田 耕介 (九州工業大学)
言語	日本語
司会	花田 耕介 (九州工業大学)

これまで、遺伝的多様性の重要な指標として一塩基多型 (SNP) が広く利用されてきた。しかし、単一の参照ゲノムに基づく SNP 情報からは、indel や逆位などの構造多型や系統特異的に出現した遺伝子などを捉えることができなかった。しかし、近年、第四世代と呼ばれる PacBio 社や Oxford 社などの Long read シーケンス技術の普及により、個々の種や系統、個体で完全ゲノムを決定することが可能になり、パンゲノムデータが急速に蓄積している。これらのデータが、生物ゲノムをより包括的に理解するのに役立つのは明らかである。そこで、幅広い生物種でパンゲノム解析を実施している研究者の最新事例を紹介していただく。

15:00~15:30 W5-1 シロイヌナズナ集団に出現した de-novo 遺伝子の探索

Exhaustive search of de-novo genes in Arabidopsis population

花田 耕介¹ ○

¹九州工業大学・大学院情報工学研究院

近年のゲノム解析の進展で、様々な生物種の系統において、遺伝子領域とされていなかった領域（非遺伝子領域）から新規に遺伝子（de-novo 遺伝子）が出現していることが明らかにされている。これらの遺伝子の多くは短い遺伝子であり、保存領域もないので、遺伝子として登録されていないものが多かった。そこで、シロイヌナズナ（植物のモデル生物）から、AUG を開始コドンに持つ短い遺伝子（100 aa 以内）を網羅的に探索した。その結果、シロイヌナズナの系統で特異的に出現した短い遺伝子には、病害菌からの感染防御を上昇させる機能を持つものが多いことを発見した。しかしながら、非 AUG を開始コドンに持つ短い遺伝子が見落とされていると考えられている。そこで、本研究では、Ribo-seq 解析、TSS 解析、Pangenome データを駆使し、免疫活性時に発現する非 AUG を開始コドンに持つ未知の短い遺伝子の探索結果を紹介する。

15:30~16:00 W5-2 パンゲノム解析から見てきた野生イネ属遺伝資源のゲノム多様性と 形質多様性の発現

**Genome diversity and trait expression of wild *Oryza* genetic resources
revealed by pan-genome analysis**

佐藤 豊¹ ○

¹ 国立遺伝学研究所

変動する地球環境における持続的な農業生産を可能にする一つのアプローチとして、未利用遺伝資源の有効利用が提唱されており、中でも作物野生祖先種は、栽培種成立の過程で失われた多様性を保持する有用な遺伝資源として期待されている。イネ属は 2 つの栽培種と 22 種の野生種が知られている。栽培種のうちの一つが我々の主食である米が実る *Oryza sativa* である。発表者のグループでは、野生イネ属遺伝資源が示す形質多様性発現機構の解明を目指して、多数の野生イネ属系統のゲノム配列を取得している。この発表では、国立遺伝学研究所が保有する野生イネ属遺伝資源のゲノム解読から見てきた野生イネ属のゲノム多様性、ならびにそれが可能にする野生イネに特徴的な様々な形質を紹介する。また、ゲノム解読が可能にする野生イネ属遺伝資源を新たな資源として利用する試みを紹介する。

16:00~16:30 W5-3 多様なショウジョウバエのゲノム解析から捉える性染色体進化

**Unraveling the evolution of sex chromosomes by genome sequence analyses
of a variety of *Drosophila* species**

野澤 昌文^{1,2} ○

¹ 都立大・院理, ² 都立大・生命情報セ

多くの生物は、進化過程で常染色体から派生した性染色体によって性を決定する。しかし、一般に Y 染色体は組換えを行わないため有害変異を蓄積して退化する。一方で、性の存続には Y 染色体上の性決定遺伝子や妊性遺伝子が必要である。そのため、これまで Y 染色体の進化は、退化するが消失できない「性染色体進化の袋小路仮説」によって理解されてきた。しかし近年、アマミトゲネズミのように新たな性染色体の獲得によって古い性染色体の常染色体への再転換が可能となり、袋小路を脱した生物の存在も明らかになってきた。私は、この「性染色体進化のサイクル仮説（性染色体サイクル）」を解明するため、多様なショウジョウバエの核型解析とゲノム解析を行ってきた。本発表では、特に Y 染色体の消失・入れ替わりが生じた種に着目し、ゲノム解析からみえてきた入れ替わり過程を紹介する。また、その過程で進めてきた Y 染色体種間比較解析の現状も報告する

16:30~17:00 W5-4 ヒトや病原菌ゲノムにおける変異/多型の包括的解析

**Comprehensive Analysis of Genetic Variation in Human and
Pathogen Genomes**

藤本 明洋¹ ○

¹ 東大・院医

次世代シーケンサー(NGS)により遺伝学研究は大きく進展した。しかし、短いリード長や

情報解析手法の問題により、未発見の多型や変異がまだ多数存在していると考えられる。本講演では、変異/多型の包括的解析を目指した 2 つの研究を紹介する。第一の研究は、ロングリードを用いた日本人 11 名および肝臓癌の全ゲノムシーケンスである。ロングリードを用いて日本人の構造多型と肝癌の構造変異を検出した。挿入の多くはトランスポゾンにより引き起こされていたが、プロセス型偽遺伝子の挿入も存在していた。また、構造異常の生成機構を推定した。第二の研究は、結核菌の全ゲノムシーケンスである。この研究では、構造異常を検出する手法を開発し、約 1900 サンプルの結核菌ゲノムを解析した。その結果、薬剤耐性や患者の予後に関係する遺伝子が検出された。以上の研究は、未発見の変異や多型の解析の重要性を示唆する。

W6 染色体の数と形の多様性

日時	8月23日 10:00~12:00
会場	14号館1階 B会場 (14-104)
企画者	田辺 秀之 (総合研究大学院大学) 宇野 好宣 (東京大学)
言語	日本語
司会	田辺 秀之 (総合研究大学院大学) 宇野 好宣 (東京大学)

染色体はゲノムの鳥瞰図であり、その数と形、いわゆる核型はその生物種に固有な遺伝的特性を表しており、進化の産物の賜物といえよう。染色体の数と形、大きさの多様性は、核型進化の過程での染色体融合、倍数化、転座、逆位、欠失などの複合的な再編成だけでなく、セントロメアの動態やゲノム高次構造などにも密接に関わっている。さらに昨今のゲノム解析技術の進展に伴い、染色体と核型情報の重要性が再び高まりつつある。本WSでは、動物や植物における興味深い染色体研究の知見を紹介していただくことで、改めて染色体の構造・機能・進化について論じる機会としたい。

10:00~10:03 W6-1 はじめに：ゲノム時代の染色体観察の重要性

Introduction: The importance of observing chromosomes in the genomic era

田辺 秀之^{1, ○}, 宇野 好宣²

¹総研大・統合進化セ, ²東京大・院・総合文化

染色体の数と形、いわゆる核型はその生物種に固有な特徴を有し、ゲノムの鳥瞰図であるとともにゲノム解析の根幹をなす情報として重要である。地球上の全生物種は約300万種~1億種と推定されているが、核型が判明している生物種はその1000分の1にも満たない。哺乳類でさえも約6500種中1130種ほどの報告にとどまっている。本ワークショップでは、動物や植物における染色体標本作製法、研究手法、興味深い知見等を紹介していただき、改めて染色体の構造・機能・進化について論じる

10:03~10:20 W6-2 ドジョウで見られる倍数性変異と特殊な生殖機構

Polyploidy and atypical reproduction in dojo loaches

黒田 真道^{1, ○}

¹東京農大・生物産業

日本のドジョウには遺伝的に分岐した二系統 (A, B) が存在し、有性生殖で繁殖する。一方、北海道には二倍性の卵を産み雌性発生するクローンドジョウが生息し、二系統間の交雑を

起源とする。二倍性卵の形成機構を解明するため、各系統の染色体を識別する FISH プローブを開発し、減数分裂時の染色体挙動を追跡した。その結果、減数分裂の開始前に全ての染色体が倍加し、同一起源の姉妹染色体間で対合が行われていた。この場合、乗換えによる遺伝的な変化は生じず、全て遺伝的に均一なクローンの二倍性卵となる。また、二倍性の卵が偶発的に半数性の精子核を取り込むとクローン由来の三倍体が出現する。この三倍体の雌は主に半数性の卵を産む一方で、雄は不妊となる。三倍体雄の減数分裂を観察した結果、高頻度で対合の失敗が生じていた。そのため、精子形成過程で染色体の不均等分配が生じ、受精能力を持たない異数性精子が形成されている可能性が示唆された。

10:20~10:37 W6-3 染色体の多様性が照らす植物の種分化と分類

Chromosomal divergences illuminate plant speciation and taxonomy

佐藤 杏子^{1, ○}

¹ 富山大・理

外部形態および生態について変異に富む複合種でも、核型に基準を置くと明瞭に分類できる例が、これまでに多くの植物種で報告されている。タンポポ属をはじめとする無融合種子生殖を行う植物群について、詳細な核型分析を行ったところ、複雑な種内倍数性ととともに核型の変異が認められた。それらの一部は体細胞性の染色体突然変異が種内の多様化に貢献しているとわかった。通常の有性生殖を行う植物群では、染色体構造変化は減数分裂の異常と共に不稔を引き起こし、多様化に寄与しにくい。しかし無融合種子生殖種では、正常な減数分裂を行わなくとも次代を生むことが可能であり、体細胞性の突然変異が生じて、それが維持されたまま生存・生殖し、多様な系統をつくると考えられる。本講演では、種内倍数性や染色体構造変化と生殖様式の違いに注目し、染色体研究を通じた植物の種分化の機構と分類について紹介したい。

10:37~10:54 W6-4 植物の「そぞろ歩くセントロメア」

Strolling centromeres in plants

長岐 清孝^{1, ○}

¹ 岡山大・植物研

セントロメアの位置は、DNA 配列依存的に決定されず、動原体特異的ヒストン H3 (CenpA/CENH3) の局在により、エピジェネティックに決定される。これまで、セントロメアの位置は、ネオセントロメアなどの一部の例外を除いて、種内では安定であると考えられてきたが、それは本当だろうか？近年の次世代シーケンス技術の発展により、非モデル生物においても染色体レベルにアセンブリされたりファレンスゲノム配列が利用可能となり、さらには、安価にセントロメアの位置がマップできる様になってきた。最近、我々は、様々な植物種の抗 CENH3 抗体を用いた ChIP-seq により、同一種内の複数系統のセントロメアをマップするパンセントロメアマッピングを行い、複数の種においてセントロメアが

頻繁に移動していると考えられる事例を見出した。本ワークショップでは、これらの「そぞろ歩くセントロメア」について述べる。

10:54~11:11 **W6-5 線虫の染色体数の変化にともなう種分化、ゲノム進化、性決定の進化**
Speciation, genome evolution and evolution of sex determination,
coordinated with change of chromosome number in nematodes

吉田 恒太^{1, ○}

¹新潟大・脳研

染色体の数の変化すなわち、染色体の融合や開裂は古くから種分化や適応進化に関係があるとされてきた。しかしながら、その詳細な過程やメカニズムの解明はゲノム解析の発展を待たざるを得なかった。私は 50 種以上の新種が最近発見されている自由生活性の線虫、プリスティオンクス（*Pristionchus*）属線虫の種分化を研究する過程で、近縁種間で染色体の融合が独立で二回生じていることを発見。それが種分化において重要であることを明らかにした。さらに、47 種の *Pristionchus* 属線虫の染色体解析により、この属で染色体数の多様化が起こっていることを確認した。その後の解析により、それが遺伝子の位置などのゲノム進化に関わること、性染色体の変化にともなう性決定の進化に関わることなどがわかってきた。本発表では、それらの研究の概観を紹介するとともに、線虫で可能になる染色体進化の新しい研究の方向性も示していきたい。

11:11~11:28 **W6-6 爬虫類の染色体の多様性と進化**
Diversity and evolution of reptile chromosomes

松原 和純^{1, ○}

¹中部大・院応用生物

爬虫類は哺乳類や鳥類と共に羊膜類に含まれる。系統学的には現生爬虫類と哺乳類は姉妹群の関係にあり、鳥類は爬虫類の内部系統に位置する。爬虫類と鳥類の核型には共通の特徴が見られ、これらの多くの種の核型はマイクロ染色体とマクロ染色体から構成される。そして、マイクロ染色体とマクロ染色体の間では遺伝子密度や GC 含量等に違いがみられ、その起源や進化のメカニズムに興味を持たれる。性決定機構に着目すると哺乳類や鳥類は遺伝性決定をもち、哺乳類は雄ヘテロ型、鳥類は雌ヘテロ型の性染色体をもつ。一方、爬虫類では性決定様式や性染色体に多様性が見られ、温度依存性決定、雄ヘテロ型性染色体、雌ヘテロ型性染色体をもつ種が混在しており、同属種間でも性決定様式や性染色体の形態が異なる事例がみられる。本講演では、この様な爬虫類における核型や性決定様式・性染色体の多様性を紹介し、その進化過程について考察する。

11:28~11:45 **W6-7 大きい染色体と小さい染色体：染色体サイズの多様性**
Large and small chromosomes: diversity of chromosome size

向井 康比己¹ ○

¹ 大阪教育大学

染色体の大きさや数は生物固有のものである。遺伝子数はそれほど変わらないのにもかかわらず、染色体やゲノムのサイズは多様である。それらの多様性はどれくらいあるのだろうか。1 μm にも及ばない小さな染色体がある一方で、40 μm に近い大きな染色体も存在する。染色体の大きさが多様なのは、細胞や核の大きさはもちろんのこと、細胞あたりの染色体数やゲノムサイズとの関連も示唆される。体細胞あたりの染色体数も2本から千数百本にも及ぶ。本講演では、染色体数が最も多い例と最も少ない例を植物と動物で紹介する。染色体サイズや数のダイナミックな変動は、重複、融合、転座、切断などの染色体の構造変異や倍数化によると考えられているが、まだわからないことも多い。さらに、C値エニグマ、核内構造との関連、核型の進化、染色体シンテニー、エピジェネティクスといった課題にも言及する。

11:45~12:00 総合討論