

## ポスター発表要旨 8月28日

## 【P2-1】アンモノイドのアロメトリー特性に由来する形質連関

生形貴男

静岡大 理

Raup (1967) 以来今日に至るまで、アンモノイドの形態的多様性の形態空間解析は、古生物学におけるポピュラーなテーマであり、アンモノイドの適応や系統的制約に関する様々な議論を生み出してきた。一方、それらの研究では、等成長の表現に特化したRaupモデルに基づくが故に、それが苦手とする個体発生変化は無視されてきた。本研究では、アンモノイドの不等成長を表す新たな理論形態モデルに基づき、アンモノイドの成長特性からその形態空間占有パターンを再考した。本理論形態モデルでは、アンモノイドの殻の縦断面を、螺管の周囲長の拡大率と、背面螺管が前の螺管を被覆する割合、螺管の周囲長に対する螺管断面積のアロメトリー係数の三つの媒介変数で表す。螺管断面の縦横比は前述の三つのパラメーターによって従属的に決まる。このモデルに基づいてアンモノイドの不等成長をシミュレートして実際の標本の計測値と比較した結果、螺管の断面積は周囲長に対して概して等成長に近く、そのことが螺管の断面形状と巻き方との関係にある種の制約を生じさせているらしいという結論を得た。例えば、古生代のゴニアタイト類や三畳紀のセラタイト類の一部に見られるような、螺管が太いという特徴と、巻きがきつくて臍が狭いという特徴は、いずれも共通のアロメトリー特性、すなわち螺管周囲長の劣成長または螺管被覆部の優成長に起因する形質連関として解釈できる。

## 【P2-2】エナガの亜種にみられる形態的変異

新鞍 彩子

京大・理

エナガ *Aegithalos caudatus* は旧北区に広く分布するスズメ目エナガ科の小鳥で、東アジアでは地域により6亜種に分けられている。演者は亜種の実体を明らかにすることを目的にこの種内の変異を調査し、現在までに国内の14研究機関に所蔵されている標本6亜種326個体の形態計測を行い、形態的な地理的変異を調べた。今回の分析は、北海道、サハリン、北方四島に分布する亜種シマエナガ *A. c. japonicus* と、朝鮮半島北部、沿海州からヨーロッパまで広く分布する亜種コウライシマエナガ *A. c. caudatus* に焦点を絞った。この2種は他の東アジアに生息する亜種に比べ全体的に白っぽく尾が長いことで区別され、亜種シマエナガの尾がわずかに短いことでこの2種は識別される。6亜種について、外部計測値8箇所を用いた正準判別分析を行ったところ、亜種シマエナガの第1軸での変異幅が非常に広がった。そこでこの亜種群の2亜種を、個体数の多い雄について地域ごとに分けて分析したところ、北海道の札幌近郊の集団だけがこの第1軸で特に大きな変異幅を持つことが明らかとなった。これ以外の集団は第1軸の値が小さい。コウライシマエナガの地域集団は第2軸での違いが見られたが、異なる亜種とされる韓国と北方四島の集団がほぼ重なった。このような形態変異が何を意味するかについては、今後遺伝的な変異を調べることによって明らかにしていきたい。

## 【P2-3】後期白亜紀アンモナイト類の殻体構築構造の多様性とその分類学的意義

瀬戸雅浩\*, 棚部一成

東大院・理

アンモナイト類(軟体動物頭足類)の殻は一般的に前の螺環を覆うように付加成長し、個体発生に伴う殻体構造の変化を観察する上で適した材料である。その殻体は基本的に外側から内側に向かって稜柱層・真珠層・稜柱層の3層構造からなる。ある成長段階の螺環と前の螺環との接合部の構造は、殻体の形成プロセスや殻体強度を知る上で重要であると考えられる。そこで、本研究では後期白亜紀アンモナイトの多くの分類群について、この部分の殻体構造をSEMによって観察し、相互に比較検討した。

観察の結果、アンモナイト亜目デスモセラス上科(例えば *Damesites damesi*)とフィロセラス亜目フィロセラス上科(*Hypophylloceras*, *Phyllopachyceras*)では、外側稜柱層・真珠層が順に背側に向かって漸移的に消失していく特徴を共有していることがわかった。また、リトセラス亜目テトラゴニテス上科のテトラゴニテス科(*Tetragonites* spp.)とゴードリセラス科(*Gaudryceras* spp.)の成長中期の殻は、ともに真珠層が外側に膨らみを持つ特徴があることがわかった。

本研究の結果、これまで研究されてきた初期殻体構築構造と同様、螺環接合部の構造も高次分類群間で大きな違いがあることが明らかになった。

#### 【P2-4】 マウス亜種系統間における下顎骨形態差の遺伝的解析

細谷理樹(1)\*, 中野紗綾子(2), 土屋公幸(2), 三田旻彦(1), 城石俊彦(1)

(1) 遺伝研・哺乳動物遺伝 (2) 東京農大・農

下顎骨の形態は、種や亜種の特長・分類を行う指標として広く用いられている。しかし、その形態差を規定している遺伝情報の差がどのようなものであるかについては、いまだに不明な点が多い。

本研究室では、これまでにアジア産野生マウス亜種より多数の近交系統を樹立してきた。日本産野生マウス由来の MSM 系統 (*Mus musculus mollosinus*) を含むこれらアジア産亜種由来の近交系統とヨーロッパ産亜種由来の実験用マウス C57BL/6J 系統 (B6 系統, *Mus musculus domesticus*) の下顎骨形態について、特徴点間の距離計測、および輪郭形状の楕円フーリエ解析を行った結果、亜種間の差を数値モデル化することが出来た。

この数値モデルを指標として、下顎骨形態の差を規定している具体的な遺伝子座を特定するために、B6 系統と MSM 系統の間で F2 世代を作成し、Quantitative Trait Loci (QTL) 解析によるマッピングを行ったので、その結果について報告する。

#### 【P2-5】 グッピー種内における色覚多様性の分子基盤

笠木聡\*・河村正二(1)、正路章子(2)、河田雅圭(3)

(1) 東京大院・新領域 (2) 三井情報開発 (3) 東北大院・生命科学

グッピーは典型的な性的二型を示しオスの体色はカラフルで個体差が大きくメスによる配偶者選択の指標と考えられている。配偶者選択には個体差がありその為にオスの体色個体差が維持されていると考えられている。顕微分光法による先行研究でグッピーの赤へ緑感受性視細胞に最大吸収波長( $\lambda_{max}$ )の多型が発見された。このことからグッピーの色覚には多様性がありメスによる色覚の個体差が選択に関与していることが推測された。これらの結果を裏付ける遺伝子の実体は未同定であったことから、我々はグッピー全視物質遺伝子の単離・同定と解析を行った。野生オス個体から作製したゲノムライブラリーから一般の硬骨魚類に存在する 5 タイプ全ての視物質遺伝子を同定した。その結果赤型(LWS)遺伝子が 5 座位と多く、血縁関係の判明している家系群を解析した結果 5 座位のうち 2 座位に 5 種類の顕著な RFLP が確認された。その他の視物質遺伝子には 2 種類程度の RFLP しか観察されず、培養細胞系を用いた視物質再構成実験においても  $\lambda_{max}$  の違いはなかった。これらのことから多型的な LWS が赤緑色覚多様性を担うものと期待されるがこれらの遺伝子の視物質再構成は成功しておらず、また吸光度に関係することが既知のアミノ酸置換のパターンからも顕著な吸光度多型を説明することができない。よって吸光度との関係がこれまで未知のアミノ酸置換がグッピーの LWS 遺伝子にあると考えた。

#### 【P2-6】 ハエトリグモオプシンから探る節足動物の色覚の進化

小柳光正(1)\*, 永田崇(1), 山下茂樹(2), 徳永史生(1)

(1) 阪大院 理 (2) 九大・芸術工

脊椎動物と同様、節足動物にも色覚を持つ種が存在する。特に昆虫の色覚については分子レベルの研究も進んでおり、吸収波長域の異なる複数の光受容蛋白質 (オプシン) が色覚の中心的な役割を担っていることが明らかとなっている。しかしながら、昆虫以外の節足動物のオプシンに関する情報が乏しいために、これら節足動物の色覚に関わるオプシン群がいつ進化したのか不明であった。今回我々は、節足動物の系統における色覚進化のシナリオを明らかにする目的で、節足動物門内で昆虫類から最も遠いグループの一つであるクモ類の中で、特に優れた色覚を持つことから複数種類のオプシンの存在が予想されるハエトリグモからオプシンの単離を試みた。その結果、ハエトリグモから 4 種類のオプシン遺伝子の単離に成功した。ハエトリグモのオプシンを含めて行ったオプシン遺伝子族の分子系統解析の結果、昆虫類とクモ類の共通祖先の段階で少なくとも 2 種類のオプシンが存在し、昆虫類、クモ類へと分岐した後、それぞれの系統でさらにレパートリーを増やしたことが示唆された。さらに本発表では、オプシンの吸収波長制御に関わる

アミノ酸残基の比較から、共通祖先が持っていた2種類のオプシンの吸収波長についても議論する。

## 【P2-7】脊椎動物における苦味受容体遺伝子ファミリーの進化

郷 康広

総研大・先端科学

五感(視・嗅・味・聴・触)は、生物が生存し繁殖するために必須な外部環境応答感覚である。それゆえに、それら感覚器官をどのように発達(退縮)させるかは、その生物が棲息している環境に強く依存し、環境が変化した場合には、まわりとの関係性に依拠してゲノムを変化させる必要がある。苦味受容体遺伝子(以下、T2R 遺伝子)は、GPCR に属する多重遺伝子ファミリーを形成している。先行研究より、機能 T2R 遺伝子はヒトゲノムにおいて 25 個、マウスゲノムでは 34 個存在するが、ニワトリゲノムにはたった 3 個しか存在しない事が判明し、哺乳類の段階で急速な遺伝子ファミリーの拡大が起こったと推測された。この推測を検証するために、イヌ・ウシ・オポッサム・アフリカツメガエル・ゼブラフィッシュ・フグにおける T2R 遺伝子の遺伝子構成を明らかにした。その結果、それぞれ 15 個(イヌ)、18 個(ウシ)、26 個(オポッサム)、49 個(アフリカツメガエル)、4 個(ゼブラフィッシュ)、3 個(フグ)の機能遺伝子を発見した。さらに、詳細な解析した結果、哺乳類の T2R 遺伝子は、両生類との分岐以降、鳥類/は虫類との分岐以前に 1 度目の、そして、哺乳類の適応放散後に 2 度目の遺伝子ファミリーの拡大が起こった事が明らかになった。逆に、鳥類の系統においては、1 度目の拡大の後、哺乳類との分岐後に、急速な遺伝子ファミリーの退縮が起こった事が示唆された。本発表では、その理由に関して考察したい。

## 【P2-8】オプシン関連遺伝子群の発現に基づくナメクジウオ光受容体の characterization

佐藤剛毅(1)(2)\*、小柳光正(3)(4)、窪川かおる(5)、岩部直之(3)、白山義久(1)、和田洋(2)

(1)京都大 フィールド科学教育研究センター (2)筑波大院 生命環境科学 (3)京都大院 理 (4)大阪大院 理 (5)東京大 海洋研究所

ナメクジウオ類(脊索動物門頭索動物亜門)の神経管には Frontal eye, Lamellar organ, Joseph cell, Hesse's cup eye という 4 種の光受容器が存在することが知られている。ナメクジウオ類はプランクトン性の幼生から変態を経て潜孔生活を営む成体へとその生活スタイルを変更するが、幼生の段階から光刺激に反応して水柱内を垂直移動することが知られており、各光受容器の発生及び機能と生活環との関連は非常に興味深い。現在までのところ、ナメクジウオ(*B. belcheri*)では 7 種類のオプシン関連遺伝子群が同定されている。本発表では、In situ ハイブリダイゼーション法によるオプシン関連遺伝子群の発現解析と広く後生動物の光受容器の発生に関わる Pax6-Six-Eya-Dach 転写調節カセットとの関連に基づいて 4 種の光受容器を主に発生学的側面から characterize した結果を報告する。

## 【P2-9】タンガニイカ湖産シクリッド、キプリクロミニ族の生息環境の違いと光受容体の進化

長井 はるか(1)\*、菅原 亨(1)、堀 道雄(2)、岡田 典弘(1, 3)

(1)東工大・生命理工 (2)京大院・理 (3)基生研・種形成

水中の光環境は、濁り・明るさ・色など多様性に富んでおり、生物の視覚はその多様な光環境に合わせて適応的に進化してきたと考えられる。東アフリカのタンガニイカ湖には、約 250 種の湖に固有なシクリッドが生息している。この湖のシクリッドにおいて、光受容体蛋白質のひとつ RH1 蛋白質の 292 番目のアミノ酸残基がアラニンからセリンへ置換する(A292S)ことと、湖の深層の光環境へ適応することとの相関が過去の研究で報告されている。本研究では、タンガニイカ湖に生息する族のなかでは、比較的幅広い生息域を持つ、キプリクロミニ族の RH1 遺伝子に注目し、その適応放散における種間の光受容体蛋白質の性質の変化と、光環境への適応との関係を明らかにすることを目的に研究を進めた。キプリクロミニ族に属する 6 種、55 個体の RH1 遺伝子の配列を決定し、比較解析した。その結果、この族では、湖の深層へ適応し、A292S を持つ共通祖先から種分化が起こったと想定された。また、浅瀬に生息する種の中には、異なる系統で S292A に置換が独立に起こっている種があり、これは浅瀬への適応の結果であると考えられた。キプリクロミニ族内のロドプシンの波長感受性シフトによる光環境への適応は、過去の研究で見られた進化

とは逆の道筋を経たことが予測され、異なる光環境への適応には、RH1蛋白質の292番目のアミノ酸置換が重要な役割を果たしていると示唆された。

### 【P2-10】シクリッドの光環境への適応と集団の形成における色覚分子の役割

寺井 洋平(1)\*、Ole Seehausen(2)、佐々木 剛(4)、今井 啓雄(3)、菅原 亨(1)、佐藤 哲(1)、高橋 一彦(4)、

溝入 信治(4)、渡邊 正勝(1)、Hillary D. J. Mrosso(5)、館田 英典(6)、七田 芳則(3)、岡田 典弘(1, 4)

(1) 東大院・生命理工 (2) Univ. of Bern (3) 京大院・理 (4) 基生研・種形成(5) TAFIRI (6) 九大院・理

アフリカの大地溝帯に存在するヴィクトリア湖には数百種にも及ぶ固有のカワズメ科魚類(シクリッド)が生息している。この湖は1万数千年前に完全に干上がったことが報告されており、現存の種は極めて短期間に爆発的な種分化を起こし生じてきたと考えられている。このため、現在でも新たな種もしくは集団の形成が起こっていると予想され、どのような遺伝的要因がこのような現象に関わるかを研究するうえで最適の生物であると考えられる。本研究では異なる光環境に生息する集団を研究に用いることにより、光環境への適応と集団の形成に関与した遺伝子を単離し、その機構を明らかにしようとしている。

シクリッドにおいて光環境への適応や性選択による生殖的隔離に視覚が深く関わっていることが報告されている。そこで本研究では、視物質のタンパク成分であるオプシン遺伝子の集団間での差異、その機能的な違い、さらにその違いを生み出した選択圧などの解析などを行った。その結果、異なる光環境下の集団はオプシン遺伝子の配列が適応的に異なり、選択圧を受けて集団内に固定していることが明らかになった。これらの結果より、適応的に進化したオプシン遺伝子の光環境への適応や性選択における役割と、種もしくは集団の形成への関与を報告する。

### 【P2-11】Bradyrhizobiaceae科細菌における共生アイランドとゲノムの可塑性

板倉学(1)\*、佐伯和彦(2)、大森博文(2)、横山正(3)、金子貴一(4)、田畑哲之(4)、大和田琢二(5)、田島茂行(6)、内海俊樹(7)、

鮫島玲子(8)、三井久幸(1)、南澤究(1)

(1) 東北大院生命 (2) 大阪大理 (3) 東農工大農 (4) かずさ DNA 研 (5) 帯畜大生物資源 (6) 香川大農 (7) 鹿児島大理 (8) 静岡大農

*Bradyrhizobium japonicum* USDA110 株はゲノムサイズが 9.1 Mb と非常に大きく、共生窒素固定に必須な遺伝子は染色体上の tRNA 遺伝子を標的配列として挿入された 681 kb の巨大なアイランド構造をしていた。また同様の構造が染色体上に 14 ヶ所観察され、USDA110 株は進化の過程において、多くの外来性 DNA を染色体上に取り込んできたことが考えられた。そこで本研究では *B. japonicum* 含めた *Bradyrhizobiaceae* 科細菌における共生アイランドの挙動とゲノムの可塑性を明らかにするために、USDA110 株の DNA マクロアレイを用いて *Bradyrhizobiaceae* 科細菌のゲノム比較を行った。その結果、*B. elkanii* では共生アイランドがゲノムバックグラウンドとは別の変化をしており、非根粒形成 *Bradyrhizobiaceae* 科細菌では共生アイランド全体を欠いていることが明らかとなった。以上の結果から共生アイランドはそれ自身が1つのユニットとして挙動しており、*B. japonicum* と *B. elkanii* は分岐した後に別々に共生アイランドを獲得したことが示唆された。また USDA110 株のゲノム中において、70%は *Bradyrhizobiaceae* 科細菌に共通して保存されている領域であり、30%は可塑性な領域であることが明らかとなった。

### 【P2-12】*in silico*近縁ゲノム比較による *Neisseria* 属細菌のゲノム多型形成への過程の再構築

河合 幹彦(1)\*、内山 郁夫(2)、小林 一三(1)

(1) 東大院・新領域、東大・医科研 (2) 岡崎・計算科学研究センター

細菌のゲノムは流動的で、一つの解読されたゲノムはある系列のある一時点におけるスナップショットである。近縁ゲノム比較によって、ゲノム間での構造の変異を見つけ、それがどのように生じたかを考察することができる。我々は、BLAST, CLUSTALW などのツールに加え、第二著者の内山が中心になって作成したゲノム比較ツール CGAT を利用して、そのようなゲノム多型解析を進めている。

今回、ゲノム多型形成過程の再構築を目指して、*Neisseria* 属細菌 4 株のゲノム配列を比較した。これら 4 株は塩基配列レベルで

の比較が可能な程度に近縁である *Neisseria* 属細菌のゲノムには、繰り返し配列が多い。種内株間で比較すると、逆位などの大規模ゲノム多型が目立つ。

まずゲノム全体を大まかに比較して、多型の候補を絞り込み、それぞれの多型について、末端を DNA レベルで比較した。過去のゲノム解析・比較ゲノムの報告では発見されていなかった多型を見だし、さらにその多型を生じる分子機構も推測することができた。

### 【P2-13】ヒトゲノム重複領域の網羅的解析

佐藤慶治(1)\*, 坂手龍一(1,2), 村上勝彦(1,2), 松矢明宏(3), 藤井康之(1,2), 伊藤剛(1,4), 五條堀孝(1,5), 今西規(1)

(1)産業技術総合研究所 (2)バイオ産業情報化コンソーシアム (3)日立製作所 (4)農業生物資源研究所 (5)遺伝学研究所

進化の過程におけるゲノム重複の役割を解明することを目的として、ヒトゲノムの重複領域を全ゲノムレベルで網羅的に解析した。NCBI build35 のヒトゲノム配列に対して blastz を用いた自己アライメントを作成することにより、重複領域を検出した。このとき、正確なアライメントを作成するために、非反復配列の領域を優先的にアライメントし、それから、反復配列を含む領域にアライメントを伸長した。結果として、ヒトゲノム全体に占める重複領域の割合は 5.2% であり、同一染色体内での重複領域は全ゲノムの 2.1% であった。同一染色体内での重複領域の密度が一番高かったのは Y 染色体で、次に 9 番、16 番の順であった。また、染色体内/間での重複領域に占める反復配列の割合はそれぞれ、43.4%、38.5% であり、反復配列の含有率に染色体内/間で違いが見られた。さらに、染色体ごとの反復配列の含有率を比較したところ、12 番、19 番染色体では同一染色体内での重複領域に占める反復配列の含有率が他の染色体よりも有意に低く、染色体内での重複領域の蓄積の過程が染色体ごとでも大きく異なることが示唆された。このほか、遺伝子マッピング結果を用いた重複領域上の遺伝子の密度や、GO による重複遺伝子の機能分類について報告する。

### 【P2-14】シアノバクテリアで初めて見つかった MITE の比較ゲノム解析

成川礼 (1)\*, 片山俊明 (2), 岡本忍 (3), 金久實 (3), 池内昌彦 (1)

(1) 東大院・総合文化 (2) 東大・医科研 (3) 京大・化研

*Anabaena* sp. PCC 7120 (ana) のゲノム配列中に、シアノバクテリアで初めての MITE 型転移因子 (AnMITE1) を見つけた。AnMITE1 は遺伝子間領域に 100 コピー以上存在し、全長は約 120 塩基、両端に 13 塩基の TIR (terminal inverted repeat)、中心部分に相補的な 8 塩基のタンデムリピートを持つユニークな構造だった。シアノバクテリアでは 7~9 塩基の頻出タンデムリピートが複数種知られているが、AnMITE1 のタンデムリピートはこれらのうち STRR9 に相当した。今年 JGI により近縁種の *Anabaena variabilis* (ava) と *Nostoc punctiforme* (npu) のゲノム配列が決定されたため、併せてゲノム解析を行った。その結果、AnMITE1 は ava のゲノム中にも 100 コピー以上存在したが、npu では見つからなかった。ほぼ全長に渡って配列が保存されている ana の 84 個と ava の 66 個について、シntenニー領域で挿入部位を比較したところ、共通に存在したものが 28 個、ana のみが 45 個、ava のみが 36 個だった。さらに、保存配列の系統解析から、種間で共通に存在する配列は保存度が低い傾向が見られた。これらより、AnMITE1 は *Nostoc* との種分岐後に *Anabaena* に現れ、ana と ava の種分化後もアクティブであったと考えられる。

### 【P2-15】The genome bases are arranged sophisticatedly in biphasic fractal-rule

Masaharu Takeda (1)\*, Masatoshi Nakahara(2)

(1) Applied Life Science, Sojo Univ. (2) Electronics and Computer Network Engineering, Sojo Univ.

Here we show that the four bases in genomic DNA are organized based on the fractal rule in all organisms. We analyzed the appearance frequency of the bases in the entire genome by fractal analysis primarily in *Saccharomyces cerevisiae*, and expressed the bases distribution in the genome as numerical formulas. When a genome is small as in viruses, plasmids, eubacteria and archaea, multifractality is predominantly observed because the distance between one base and the next base is short in such genomes. When a genome is large as in *S.cerevisiae* and *Homo sapiens*, multifractality and unifractality are

observed in proximal and in distal sequences, respectively. In addition, there is a certain symmetry in the genome base sequence although the base sequence is expressed as a single-strand, not as double-strand. The fractal-rule in genomes is universally observed.

### 【P2-16】indel がゲノムサイズと遺伝子構造の進化に及ぼす影響

今井周一郎(1,2)\*, 佐々木貴史(2), 清水厚志(2), 石川サビヌ和子(2), 浅川修一(2), 堀寛(1), 清水信義(2)

(1)名大院・理 (2)慶應大・医

魚類はゲノムサイズがきわめて多様化していることが知られているが、例えばメダカのゲノムサイズはフグの2倍である。我々は、メダカゲノム1Mbの塩基配列とそれに対応するフグゲノム500kbの塩基配列を詳細に比較することによって、事実、メダカの非翻訳領域のサイズがフグの2倍になっていることを見出した。このサイズの種差は、塩基配列の挿入と欠失(indel)および散在型反復配列の含量という2つの要因によって説明できる。

Indelは主に非翻訳領域で起こりゲノムサイズを変化させる要因として注目されてきたが、このindelがそれ以外の領域でも起こっているかを検討することはindelの頻度・パターンの形成を知る上で重要である。今回、我々はメダカとフグにおけるindelのパターンを解析し、遺伝子のopen reading frame(ORF)に与える影響を検討した。その結果、indelはORFにおいてもそのサイズを変化させ、それによってスプライシングの位置を変化させる可能性が示唆された。これらの結果に基づいて、indelがどのような選択を受けてゲノムサイズの進化に影響を及ぼしているのかを考察する。

### 【P2-17】ヒトとチンパンジー、マウス、ラットとの全ゲノム比較に基づく保存領域の抽出

坂手龍一(1,2)\*, 佐藤慶治(2), 松矢明宏(3), 藤井康之(1,2), 伊藤剛(4), 五條堀孝(2,5), 今西規(2)

(1)バイオ産業情報化コンソーシアム (2)産業技術総合研究所 (3)日立製作所 (4)農業生物資源研究所 (5)遺伝学研究所

ヒトへ至る哺乳類のゲノム構造の進化を探る目的で、ヒトとチンパンジー、マウス、ラット間での全ゲノム配列のアラインメント作成をおこない、ゲノム上の進化的に保存された領域を調べた。これら4生物種のゲノムサイズは合計約115億塩基と膨大であり、しかも進化の過程で複雑なゲノム再編成が起きたり、ヒトゲノムでは52.3%もが反復配列などで占められたりして、アラインメントの作成は非常に難しいものであった。しかし、我々は非反復配列領域を基にしたアラインメントを作成して保存領域を同定するとともに、それらをヒトゲノム上で分類・区分することを可能にした。反復配列領域を含む全ヒトゲノムの約31億塩基のうち、保存領域が占める割合はチンパンジーとは71.8%、マウスとは29.2%、ラットとは27.3%であった。これら4生物種で共通な保存領域はヒトゲノムの19.9%にすぎないが、ヒトとチンパンジーのみで保存された領域は43.9%も占めることがわかった。これらの結果から、霊長類特異的なゲノム領域は予想されるよりも大きい可能性があり、このことはヒトに至るゲノム進化の機構を解明するうえで重要な手がかりを与えるものと考えられる。

### 【P2-18】リボソームRNA 遺伝子中のみ転移するレトロトランスポゾンR2の分布と進化

小島健司(1)\*, 藤原晴彦(2)

(1)京大・化学研究所・BIC (2)東大院 新領域

non-LTRレトロトランスポゾン(LINE)は真核生物の主要な反復配列であり、逆転写を介して転移増殖する。レトロトランスポゾンはゲノム中の様々な位置に転移し、筋ジストロフィーなどの遺伝病の原因にもなっている。その一方で、特定の位置にしか転移しないレトロトランスポゾンも存在し、R2は28SリボソームRNA遺伝子の特定の位置にのみ転移する。このような標的特異性は宿主への害を抑える共生的生存戦略と捉えることができるが、この戦略が進化的に有効かどうかは定かではない。我々は、これまで節足動物でしか存在が確認されていなかったR2をゼブラフィッシュ、クサガメ、カタユウレイボヤなどの脊索動物、扁形動物のマンソン住血吸虫、棘皮動物のトリノアシなど多様な動物から発見した。系統解析、ドメイン構造解析の結果、N末端のジンクフィンガーの数によってR2は4つのグループに分類でき、このグループは進化系統を反映していた。また、宿主生物の分岐年代とアミノ酸

配列の類似性との関係から、R2の幅広い分布は最近の水平伝播によるものではなく、複数のパラログスな系統が同一生物内で長期間維持されてきたことによることが示唆された。以上から、R2は動物進化の初期には既に28SリボソームRNA遺伝子への配列特異性を獲得しており、以降数億年間、その中でのみ転移し続けてきたことが明らかになった。

## 【P2-19】ショウジョウバエ卵殻形態進化における rhomboid エンハンサー機能とそれを制御する位置情報に関する研究

中村征史(1)\*, 影沢達夫(1), 林良樹(2), 小林悟(2),(3), 新美輝幸(4),(5), 松野健治(1)

(1)東京理科大・基礎工 (2)岡崎機構・統合バイオ (3)戦略・科技団 (4)名大院 生命農 (5)科技団・PRESTO

ショウジョウバエ卵殻には、胚発生期の呼吸に必要な卵殻突起(dorsal appendage)が存在し、この本数は、進化上多様である。たとえば、キイロショウジョウバエ(*D. melanogaster*)とクロショウジョウバエ(*D. virilis*)の卵殻は、それぞれ、2本と4本の卵殻突起をもつ。卵殻突起の形成過程において、卵母細胞由来の Gurken (Grk) リガンドによるシグナルが、卵殻を形成することになる濾胞細胞の EGFR 情報伝達系を活性化し、その後、濾胞細胞で EGFR シグナルのフィードバックがおこる。濾胞細胞において、EGFR シグナルの活性化領域や、EGFR シグナルを正に活性調節する *rhomboid* (*rho*) の発現領域の数と位置は、種固有な卵殻突起の数と位置とよく一致していた。

極細胞の異種間移植により作出した、キイロショウジョウバエ由来の卵殻と、クロショウジョウバエ由来の卵細胞からなるキメラ卵は、キイロショウジョウバエ型の形態を示した。さらに、卵形成期の *rho* 発現を制御するエンハンサーについて、同種・異種における活性化パターンを比較解析した結果、これら2種の *rho* エンハンサーの機能には、多様化がほとんどみとめられなかった。以上の結果から、卵殻形態の進化は、濾胞細胞において *rho* エンハンサーを制御する、Grk シグナル以外の位置情報の多様化に起因することが示唆された。

## 【P2-20】メクラウナギ類VLR遺伝子の単離・同定

笠松 純 (1)\*, 鈴木 隆 (2), 笠原 正典 (1)

(1)北海道大院 医 (2)総合研究大院 先端科学

適応免疫系で主要な働きを担うリンパ球(T細胞およびB細胞)は様々な外来抗原を認識することが出来る。これは抗原レセプターであるB細胞レセプター(BCR)およびT細胞レセプター(TCR)が遺伝子の再構成によって多様な抗原結合部位を形成するためである。これらの分子群、および再構成機構に関与するRAG分子は有顎脊椎動物でのみ確認されている。ごく最近、遺伝子の再構成を行なうVLR(variable lymphocyte receptor)遺伝子が無顎脊椎動物であるウミヤツメから単離された。VLRはロイシンリッチリピート(LRR)の数とアミノ酸配列に可変性があり、その著しい多様性から抗原レセプターの候補にも上げられている。本研究ではヤツメウナギ類と単系統群をなすとされるメクラウナギ類のメクラウナギからVLR遺伝子の単離・同定を行なった。末梢白血球由来cDNAライブラリーをスクリーニングした結果、同様なタンパク質構造および可変的なLRRを有するクローンが多数検出された。また、サザンブロット解析および分子系統解析から、メクラウナギではVLR遺伝子が2種類存在しており、両遺伝子座で再構成が起こっていた。これらのことから、無顎脊椎動物には非RAG依存性の再構成機構が存在していることが示された。これまでの事実から、無顎脊椎動物は有顎脊椎動物と全く異なる適応免疫系を有している可能性が考えられる。

## 【P2-21】 Vertical space structure realized through genetic network perspective

Yasuhiko Takeda

Biology Faculty Of Science Kyushu Univ.

Gravity adaptation and Gas-supply adaptation are both important to implement Our body constitution, supposed to realize Invertebrate (open blood vascular, exoskeleton) <-> Vertebrate (closed blood vascular, endoskeleton) transition, as Data structure.

Simply, we prepared Three propositions to understand mammals' body constitution consisted two parts: part gravity resistant, part gravity free, as reaction cask and imperfect gas: and the perturbations on them.

1. As a reaction cask (Part gravity resistant : rheumatology) Gene cluster relevant in Bone / O<sub>2</sub> supply remodelling is held on self-consistent condition with that in gastrulation on connected cusp catastrophes.
  2. As an imperfect gas (Part gravity free : immunology) Acquired immune system is bound on self-consistent and Mt. Fuji like fitness landscape in its diversity / function. Each cell lineage corresponds to one of climb roads.
  3. As the perturbations (Part affecting both : parasitology) Innate immune system is bound on self-consistent and French Flag like control sequence in its deployment / function. Each cell lineage corresponds to either Hi-Fi or economy in use.
- Key word "Self-consistency" is essential to study the regulation of \*several\* cell types involved in making mammals' body constitution structurally stable :-)

## 【P2-22】 Dlx 遺伝子クラスターにおける cis-エレメントの進化

隅山 健太 (1)\*, 斎藤 成也 (1), Frank Ruddle (2)

(1) 国立遺伝研 (2) Yale Univ.

動物の発生制御の進化には、遺伝子発現制御の進化が重要であると考えられるが、遺伝子発現制御機構進化の理解はあまり進んでいない。本研究では、進化的に新しい器官の発生を制御する Dlx 遺伝子群に注目し、その発現機構の進化を知るために組織・時期特異的エンハンサー領域を解析している。Dlx 遺伝子群は遺伝子重複を繰り返し、その結果多様な機能を獲得したと考えられており、遺伝子進化を考える上で理想的なモデルである。ほ乳類には6個の Dlx 遺伝子があり、Dlx1-2, Dlx5-6, Dlx3-7 の3個のペア遺伝子群としてゲノム中に存在する。ペア遺伝子クラスター構造は進化的によく保存されており、このクラスター構造が Dlx 遺伝子群の協調的な発現制御に関係があることが示唆されている。我々は Dlx3-7 遺伝子クラスターに注目し、これまでに進化的ゲノム配列比較解析により遺伝子間領域に Dlx3 遺伝子の発現を制御する cis-因子の候補領域を複数推定し、PAC クローンを用いた導入遺伝子遺伝子間進化的保存領域の破壊実験から鰓弓特異的エンハンサー領域や肢芽特異的エンハンサー領域を同定した。これらが進化上いつ頃生じてきたのか、また生物進化に伴ってどのように変化しているのか、脊椎動物のゲノム配列の比較解析と、これまでに行った遺伝子導入マウスでの実験データから検討する。

## 【P2-23】 機能遺伝子の mRNA 安定性制御に関わる偽遺伝子 Makorin1-p1 の起源と進化

金子 聡子\*(1), 津田 薫(2), 目加田 和之(2), 森脇 和郎(2), 高畑 尚之(1), 颯田 葉子(1)

(1) 総合研究大院 先導科学 (2) 理化学研究所 バイオリソースセンター

Makorin 遺伝子群は zinc finger モチーフを持つ ribonucleoprotein をコードし、脊椎動物のみならず無脊椎動物、植物にも存在している。Makorin1 は、ubiquitin ligase としてテロメラーゼのユビキチン化に関与している。マウスでは転写活性を持つ processed pseudogene, Makorin1-p1 が機能遺伝子 Makorin1 の mRNA の安定性に関与することが報告されている。本研究では、processed pseudogene による mRNA 安定性制御の進化的な背景の解明を目指し、種分岐年代の異なるマウス 6 系統を用いて Makorin1 processed pseudogene の配列解析を行った。その結果、Makorin1-p1 は進化的に新しい配列であり、その変異蓄積パターンは中立仮説に矛盾しないことが明らかとなった。また、Makorin1-p1 出現以前には、別の processed pseudogene が同様の役割を担っていた可能性が示唆された。さらに他の哺乳類および霊長類についても調べた結果、生物種毎に比較的最近できた Makorin1 processed pseudogene が存在していた。これらの結果に基づき、Makorin1 mRNA 安定性制御における processed pseudogene の機能的な関与の普遍性について議論する。

## 【P2-24】 サワガニ (Geothelphusa dehaani) mtDNA の遺伝子間非コード領域 (IGN) の解析



鎌倉強志(1)\*, 瀬川涼子(2), 青塚正志(3)

(1)都立大 理 (2)首都大院 理 (3)首都大・都市教養

核 DNA 上の偽遺伝子、イントロンなどの非コード領域は、機能的制約をほとんど受けないため、中立な塩基置換のパターンや速度を推定するのに用いられている。

一方、高等動物の mtDNA では、複製に関わる制御配列を含む制御領域 (CR) を除くと、遺伝子間非コード領域 (IGN) はほとんどみられない。これはゲノムの大きさを最小限に保つ制約によるものと考えられている。

これまでの研究で、私達はサワガニの mtDNA に、他の節足動物に比べ例外的に多い 12 箇所もの IGN が存在することを明らかにした (Segawa and Aotsuka, in press)。これらの IGN はサワガニの系統で比較的最近起こった遺伝子重複により生じたものと考えられる。従って、これらの配列は機能的制約を受けていないと予想され、mtDNA の塩基置換パターンや進化速度を研究する上で興味深い。今回の研究では、各地で採集したサワガニについて、mtDNA の IGN とコード領域の配列を決定、比較した。その結果、IGN の塩基置換速度は、コード領域全体より速かったが、3rd コドンポジションとの比較では、同等、あるいはむしろ遅いことが示唆された。

## 【P2-25】軟骨の進化に必要な新しい遺伝子の進化 —水平感染とエクソンシャッフリング

和田 洋(1)、村井美穂(2)、米田雅彦(2)、中村敏也(3)、倉谷滋(4)、窪川かおる(5)、Zhang Shicui(6)、佐藤矩行(7)

(1)筑波大・生命環境 (2)愛知県立看護大 (3)弘前大・医 (4)理研 CDB (5)東京大・海洋研 (6)青島海洋大 (7)京都大院 理

脊椎動物に特徴的な軟骨では、ヒアルロン酸、アグレカン、リンクプロテインからなる高分子の複合体がその物性、力学的な特性に深く関わっている。この複合体がどのような分子進化を経て生まれたのかを調べた。まず、ヒアルロン酸合成酵素(HAS)は、多細胞動物では脊椎動物にのみ見られるが、脊椎動物の HAS がバクテリアなどの HAS と強い相同性を示すことから、HAS は遺伝子の水平感染で獲得したと推測される。ところが、HAS を持たないホヤやナメクジウオにも、アグレカンやリンクプロテインがヒアルロン酸と結合するためにもっているリンクモジュールと、相同性の高い配列を持つ遺伝子が存在していた。この遺伝子の構造や機能は、脊椎動物の血球の移動に関わる CD44 と類似していた。このホヤのリンクモジュールはヒアルロン酸との親和性は示さないが、ヘパリンとの結合活性を示した。したがって、脊索動物の祖先のヘパリンに対して結合活性を持つモジュールが、HAS 遺伝子の水平感染の後、ヒアルロン酸への結合特異性を獲得し、そのモジュールがエクソンシャッフリングでコンドロイチン硫酸修飾ドメインやレクチンドメインと一つの遺伝子に組み込まれることでアグレカンが進化してきたと考えられる。このように脊椎動物の軟骨の進化には遺伝子の水平感染やエクソンシャッフリングによる新しい遺伝子の創出というドラマティックな分子進化が関わっていたことがわかった。

## 【P2-26】色素体形質転換タバコ個体からのマーカー遺伝子の欠失：進化過程におけるオルガネラ遺伝子欠失のモデルとして

小林括平(1)\*, 宗村郁子(1), 郭長虹(2,3), 寺地徹(2)

(1) (財)岩手生物工学研究センター (2)京都産業大・工 (3)現, ハルビン師範大・生物

真核生物のオルガネラは、細胞内共生菌からの進化の過程で多くの遺伝子を失ってきたが、その過程の全貌は明らかでない。高等植物の種分化に伴うオルガネラ遺伝子の欠失については、その初期段階に相同組換えが関与することは分かっているが、個体レベルでの遺伝子の欠失についてははなから見えない。我々は、ヘテロプラズミックな(野生型および組換え型色素体 DNA の両者を持つ)色素体形質転換タバコ個体で起こる導入遺伝子の欠失が、進化過程におけるオルガネラ遺伝子の欠失、特に欠失後の色素体 DNA 分子種が欠失前の分子種を凌駕し、優先分子種となる過程を考える上でのモデル系として利用できると考え、ヘテロプラズミックな色素体形質転換タバコ個体におけるマーカー遺伝子(薬剤耐性および蛍光蛋白質)の消長を非選択条件下で追跡した。その結果、色素体キメラ5個体中3個体では、栄養成長過程で野生型色素体 DNA が徐々に優先分子種となり、次世代において完全なマーカー遺伝子の欠失が認められた。また、他のキメラ個体ではキメラ性が次代に遺伝したが、ごく少数の子孫では遺伝子欠失が認められた。キ

メラでないヘテロプラズミック植物では、栄養成長過程および有性生殖後の遺伝子欠失やキメラ化は認められなかったが、培養による芽の再分化によってキメラ個体が生じた。以上の結果をもとに、個体レベルでの色素体遺伝子欠失と植物の生活環の関係について議論する。

## 【P2-27】 Mitochondrial DNA の核ゲノムへの挿入およびその後の重複の age distribution の推定

茂木高志\*(1), 田村浩一郎(2), 青塚正志(2)

(1)都立大院 理 (2)首都大・都市教養

核ゲノムに挿入された mitochondrial DNA (mtDNA) は nuclear mitochondrial DNA (numt) と呼ばれ、Blast を用いたホモロジーサーチによって、human genome でおおよそ 300 から 600 程度検出されてきた(Woischnik and Moraes 2002, Hazkani-Cobo et al. 2003, Bensasson et al. 2003)。これらの human numt は、Platyrrhini (new world monkey)と Catarrhini (old world monkey, ape and human) が分岐した後、old world monkey と ape, human が分岐するまでの期間に大量に生じていることが推察されている。しかし、これらの結果は、霊長類の mitochondrial genome に numt を含めた系統樹を構築しておこなわれた系統学的解析に基づくもので、分子時計を用いた年代の推定は行っておらず、また、挿入後の重複により生じた複数の numt を異なる挿入イベントによって生じた配列として扱うなどの問題を含んでいる。そこで、我々は、numt の重複を詳細に検出し、mtDNA の不変座位のみを置換速度に用いる方法で挿入年代と重複年代の検討を試みた。

## 【P2-28】 サンゴ礁性魚類アイゴ科における体表模様の多様性と hgoromo 遺伝子

栗岩薫 (1) \*, 寺井洋平 (2), 岡田典弘 (2), 西田睦 (1)

(1) 東大・海洋研 (2) 東工大・生命理工

サンゴ礁が発達する熱帯・亜熱帯地域で広く繁栄している魚類の一つであるアイゴ科は、多くの形態形質が全種に共通している一方、その体表模様の多様性の高さは魚類の中でも突出している。多くのサンゴ礁性魚類において、体表模様に基づいて種の認識や個体間のコミュニケーションが行われている可能性が報告されており、他個体が同種であるか異種であるかを認識する機構、ひいては多様性を生む原動力である種分化に、体表模様が大きく関わっていることが示唆されている。以上から、多様な体表模様形成の遺伝的機構を明らかにすることにより、種分化機構の理解における重要な知見が得られる可能性がある。

アイゴ科 7 種を用い、体表模様のパターン制御を行っていると考えられている hgoromo 遺伝子を単離し、その分子進化を解析した。その結果、この遺伝子は自身の構造を担う部位は非常によく保存されていたのに対し、特定のタンパク質と相互作用する機能的な部位では進化率が 3 倍近く高いことが明らかとなった。さらに、選択的スプライシング (alternative splicing) による 7 つのスプライシング・バリエントが検出された。岩礁域に生息する地味な体色の 1 種ではバリエント数が少ないのに対し、サンゴ礁域に同所的に生息する派手な体色の他 6 種ではバリエント数が多く、選択的スプライシングのバリエント数の多さが、多様な体表模様形成に深く関わっていることが示唆された。

## 【P2-29】 シロアリのカースト分化における幼若ホルモン応答と遺伝子発現

CORNETTE Richard (1)\*, 松本忠夫 (2), 三浦徹 (1)

(1) 北大院・地球環境 (2) 放送大・自然の理解

社会性昆虫では複雑な社会構造を示すコロニーの中に分業と多型性に至るカースト分化が見られる。各カーストは同じゲノム背景を持っているにもかかわらず、後胚発生の過程で分化し、最終的には異なる表現型を示す。この現象は、表現型可塑性の 1 つである表現型多型である。シロアリの兵隊カースト分化において、幼若ホルモン濃度の上昇により特異的な遺伝子発現が誘導され、形態などの変化を引き起こす。本研究では、屋久島産のオオシロアリを用いて、兵隊分化を幼若ホルモン類似体 (JHA) で誘導し、その際の遺伝子発現をディフェレンシャルディスプレイ法 (DD 法) で解析した。JHA 処理後早期に検出された特異的な発現は総ての転写物のわずか 1% 以下に相当するものであった。幼若ホルモンに応答して、発現が変化する特異的な候補遺伝子中、チトクロム P450 の

1つである CYP6AM1 が同定された。P450 とは酸化酵素であり、代謝で多様な役割を果たしている。

CYP6AM1 の発現は JHA に抑制され、擬職蟻と兵隊の脂肪体に局在している。CYP6AM1 の発現抑制に伴って、脂肪体の発達が見られる。その脂肪体の発達は脱皮と兵隊分化に深く関わっていると考えられる。したがって、CYP6AM1 もカーストにより、基本的なエネルギー経路と卵黄形成や発生の為のエネルギー経路に切り替えるのではないと思われる。

## 【P2-30】 Evolution of peptidoglycan recognition proteins in the vertebrate innate immune system

Fumi Tsujino, Adriana Maria Montaña, Naoyuki Takahata, and Yoko Satta

Biosystems Science, Univ. for Advanced Studies (Sokendai)

Peptidoglycan recognition proteins (PGRPs) are pattern recognition proteins in the innate immune system. PGRPs possess three highly conserved PGRP domains. Four human PGRPs, PGRP-L, PGRP-S, PGRP-I<sub>1</sub>, and PGRP-I<sub>2</sub>, had been reported. Here we investigate the evolutionary history of vertebrate PGRPs.

We identified homologs of *PGRPs* by homology search against the genomic sequences of several vertebrates. Jawed fishes and frogs possess *PGRP-L* and *PGRP-S* whereas *PGRP-I* is found only in mammals.

The prototype of vertebrate *PGRPs* is likely to be *PGRP-S* from which *PGRP-L* was derived. Later *PGRP-I* was also derived from *PGRP-S*. All mammalian *PGRP-I*s possess two sets of PGRP domains. With this duplicated domains, the proto-*PGRP-I* locus was further duplicated to generate the present-day *PGRP-I<sub>1</sub>* and *PGRP-I<sub>2</sub>*. This appears to have occurred in the stem lineage of Eutheria because of the presence of a single proto-*PGRP-I* locus in opossum. Some other locus duplications are found in zebra-fish, frogs and rats, suggesting a general trend toward an increase of the number of *PGRPs* in jawed vertebrates, despite the fact that these organisms have the acquired immune system.

## 【P2-31】 MITE 型トランスポゾン T2-MITE ファミリーの増幅と進化

彦坂暁\*, 河原明

広島大・総合科学

生物には様々なクラスの反復配列が存在し、ゲノムの重要な構成要素となっている。反復配列クラスの一つである MITE (Miniature Inverted-repeat Transposable Element) は数百 bp ほどの小さな非自律的 DNA トランスポゾンであり、均一性の高いコピーがときには数万コピー以上にまで大量に増幅し、ゲノム中に散在している。この高い増幅・転移活性により MITE はゲノムの進化に大きな影響を与えてきたと考えられる。

T2 ファミリーは TTAA という配列を転移のターゲットとし、末端逆向き反復配列 (TIR) の末端に AGGRR という共通配列をもつ MITE (T2-MITEs) のファミリーであり、アフリカツメガエルとゼブラフィッシュで大量に増幅していることが知られている。このファミリーは配列の類似性によっていくつかのサブファミリーに分類されているが、その全貌は明らかではなかった。

我々はニシツメガエルゲノムにおいて T2-MITEs を網羅的に検索し、これらを末端配列の類似度を指標に階層的サブファミリーに分類した。本種の T2-MITEs には数十から数千コピーを含むメジャーなサブファミリーが少なくとも 10 存在し、さらによりコピー数の少ない幾つかのマイナーなサブファミリーも存在していた。これらの各サブファミリーが、どのような増幅、進化の歴史を辿ってきたのかについて報告する。

## 【P2-32】 甲虫における発光能の起源に関する研究

大場裕一(1)\*, 小島 一(1), 井上 敏(2)

(1)名大院・生命農 (2)チッソ・横浜研

ホタルの発光メカニズムは、ルシフェラーゼ (酵素) によるルシフェリン (基質) の酸化反応である。我々は発光性甲虫の進化を知ることが目的として、ルシフェラーゼの起源について研究を行っている。最近、ホタルルシフェラーゼおよびショウジョウバエにお

けるルシフェラーゼホモログの酵素化学的実験により、ホタルルシフェラーゼが脂肪酸 CoA 合成酵素から進化した可能性が示唆された。ところが分子系統解析によると、この脂肪酸 CoA 合成酵素は哺乳類や酵母で知られている脂肪酸 CoA 合成酵素とは異なるタイプであることが明らかとなった。以上の結果から、脂肪酸 CoA 合成酵素からルシフェラーゼへの発光機能獲得には複数回の遺伝子重複と、それに伴う基質特異性の大幅な変更等の複雑な過程が関わっていたことが予想される。

### 【P2-33】 ゲンジボタルの発光パターンと nos 遺伝子の進化

大槻朝(1)\*, 近江谷克裕(2), 河田雅圭(1)

(1)東北大院・生命科学 (2)産総研・セルエンジニアリング

ゲンジボタル (*Luciola cruciata*) の発光周期には地理的変異があり、2 秒型 (西日本型) と 4 秒型 (東日本型)、その 2 つの境界に分布する 3 秒型 (中間型) の 3 つの生態型が知られている。メスの発光パターンに対するオスの選好性は生態型によって異なることが行動実験により示されていて、発光パターンと選好性の違いは交配前隔離として働いていると考えられる。また、ホタルの発光はルシフェリン-ルシフェラーゼ反応によって起こり、一酸化窒素 (NO) がこの反応に必要な酸素の供給を制御していることが明らかになっている。そこで本研究では、NO を作る一酸化窒素合成酵素 (NOS) の性質の違いが発光パターンの地理的変異の原因となっているのではないかと考え、ゲンジボタル NOS の変異を各生態型について明らかにし、*nos* 遺伝子の変異と発光パターンとの関係を検証することを試みている。これまでに決定したゲンジボタル、ヘイケボタルの *nos* 遺伝子塩基配列およびアミノ酸配列について報告する。

### 【P2-34】 Dissecting evolution of influenza HA + Fab binding ability

渡部輝明(1)\*, 岸野洋久(2), 北添康弘(1)

(1)高知大 医 (2)東京大院 農学生命科学

The influenza hemagglutinin (HA) is integral to many aspects of influenza infection. The membrane-distal domain of HA interacts with infectivity-neutralizing antibodies and as a consequence of immune pressure, it is the virus component which is important in antigenic drift that results in recurrent epidemics of influenza. The structure of complex of the HA with Fab fragments of antibody have been determined (H3N2 ; 1QFU, 1KEN in PDB). The ability of neutralization of antibody depends largely on the binding ability between the HA and Fab fragments. We developed an index which suggests site-specific binding ability with using likelihood ratio between the structure of complex and the structures of two individuals. We applied this method to composites of the Fab fragments and the HA on which 250 HA1 sequences (Smith et al. 2004) were superimposed. As a consequence, we detected sites on the HA which affect binding ability of the HA with the Fab fragments and found distinguishable terms on the evolution process of influenza HA.

### 【P2-35】 Gene conversion by an adjacent pseudogene causes changes in function and expression of human SIGLEC11

Toshiyuki Hayakawa (1, 2)\*, Takashi Angata (1), Amanda L. Lewis (1), Tarjei S. Mikkelsen (3), Nissi Varki (1),

Ajit Varki (1)

(1) Medicine, Pathology, Biological Sciences and Cellular & Molecular Medicine, Univ. of California, San Diego (2) Hayama Center for Advanced

Studies, Univ. for Advanced Studies (3) Broad Institute of MIT and Harvard

Siglecs (sialic acid-binding immunoglobulin superfamily lectins) are a family of cell surface receptors involved in regulating the immune response. Of these, Siglec-11 is expressed in brain microglia, which plays an important role in brain immunity as well as other brain functions. Gene conversion is a mechanism for copying part of a genomic sequence into another, contributing

to genetic diversity. We analyzed genomic sequences of *SIGLEC11* and adjacent pseudogene *SIGLECP16* in several primates and found the gene conversion of *SIGLEC11* by *SIGLECP16* only in the human lineage. The converted region encompasses 5'untranslated sequences and exons encoding the N-terminal region, including the domain mediating sialic acid recognition. Therefore, the changes in function and expression of human Siglec-11 were expected. The immunohistochemical analyses using anti-Siglec-11 antibody represent the human-specific recruitment to expression in brain microglia. On the other hand, ELISA assays using recombinant proteins show difference in sialic acid-binding property between human and chimpanzee Siglec-11. It is likely that the gene conversion by pseudogene caused changes in function and expression in the human lineage.

### 【P2-36】イトヨの糊状物質 spiggin をコードする遺伝子群の同定と解析

川原 玲香\*, 西田 睦

東京大 海洋研究所

トゲウオ科魚類の一種であるイトヨは、オスが水草などを用いて巣を作り、そこにメスを招いて産卵させるという特徴的な繁殖様式を示すことが知られている。この営巣の際、オスは腎臓で産生された大量の粘液状物質を分泌し、それを“糊”として用いて巣に巣材を装着する。spiggin と名づけられたこの糊状物質は糖蛋白質で、これをコードする遺伝子がこれまでにひとつ同定されている。しかし繁殖期にのみ大量に必要とされるこの糊状物質の遺伝子は時期特異的に大量発現するはずであり、シングルコピーであるとは考えにくい。そこで本研究では、spiggin 遺伝子が遺伝子ファミリーを構成する可能性について検討するため、イトヨを用いてこの遺伝子の網羅的なクローニングを行った。

その結果、多くの cDNA 配列が得られ、この遺伝子が多数のコピーからなること、さらに、多くのスプライシングバリエーションが存在することが明らかになり、当初の予測が正しかったことが確認された。さらに、分子系統学的解析や翻訳蛋白質の機能にかかわるモチーフ配列や挿入・欠失配列の比較を行った結果、これらの cDNA 配列はある程度機能的に分化した二つのグループに分かれることが示唆された。

### 【P2-37】ヒトの精神活動の基盤となる遺伝子の進化を探る：精神遅滞をもたらす脂質蓄積障害に関連する遺伝子の進化

金 慧琳\*, 高畑尚之, 颯田 葉子

総合研究大院 先導科学

ヒトが進化過程で獲得した特異的な精神活動に注目して、それを支える遺伝子の進化という視点から精神遅滞と関連する遺伝病を調べた。この中で脂質蓄積障害が頻りに精神遅滞をもたらすことに興味を持ち、この障害と関連する遺伝子九つの解析を行った。ヒトとチンパンジーの転写領域で非同義・同義置換の比率とヒトの非同義・同義多型(SNP)の比率を比べて、特に *ASAHI* は非同義・同義置換の比率は低い反面、ヒト種内の変異で非同義多型の比率が多いことが分かった。さらに *ASAHI* 領域で強い連鎖不平衡が見つかった。*ASAHI* は神経細胞に多い膜脂質の代謝に関する酵素を転写する遺伝子で、これは近い過去で起こった自然選択を示す可能性がある。そこでもっと詳しい情報を得るため、現在配列解析を行っているのでその結果を報告したい。

### 【P2-38】核に転移したオルガネラ遺伝子はどのようにして活性化したか

上田 実(1)(2)\*, 藤本 優(2), 有村 慎一(2), 堤 伸浩(2), 門脇 光一(1)

(1)農業生物資源研究所 (2)東京大院 農学生命科学

核ゲノムとは独立して独自のゲノムを有するミトコンドリアや葉緑体は細胞内共生によって誕生した。ミトコンドリアや葉緑体は細胞内共生後、自身が有する遺伝子を核ゲノムへ転移させたか、もしくは消失したものと考えられている。この遺伝子転移は生命進化の過程の中で興味深い現象であるにも関わらず詳細は不明である。脊椎動物ミトコンドリアゲノムは、ミトコンドリアゲノムにコードされる遺伝子が限られる上、種間でゲノムサイズがほぼ均一化している。つまり、遺伝子転移がほぼ完了している。一方で、高等

植物ミトコンドリアゲノムでは、ゲノムサイズやコードされる遺伝子数に、種間で著しい多様性が見られるため、現在もなお活発に遺伝子転移が起きているものと考えられる。すなわち、高等植物は遺伝子転移機構を解析する上で、非常に有効な材料と考えられる。本研究はこのような背景をもとにイネゲノムデータベースを利用して核へ転移した遺伝子を単離し、解析を行った。*rpl13*遺伝子では、移行シグナルとは無関係である遺伝子の配列が重複し、その重複した配列の読み枠がずれることにより誕生したタンパク質が葉緑体移行シグナルとして機能した。*rpl27*遺伝子は、二度に亘る染色体内、染色体間での重複を経てプロモーター配列を獲得した。*rps14*遺伝子は選択スプライシング、*rps11*はエクソンシャッフルで移行シグナルを獲得した。これらについて詳細に議論する。

### 【P2-39】 アナナスショウジョウバエ亜群における反復配列の解析

野澤昌文 (1)\*, 熊谷真彦 (2), 青塚正志 (3), 田村浩一郎 (3)

(1)都立大院 理 (2)都立大・理 (3)首都大・都市教養

近年、様々な生物のゲノム配列が決定され、反復配列がゲノム配列の主要な構成要素であることが明らかとなってきた。例えばヒトゲノムでは約 50%のゲノム配列が反復配列で構成されている。このことから、ゲノム進化を理解するには反復配列の進化を理解することが重要である。反復配列はサテライト DNA と転移因子に大別される。サテライト DNA は通常異質染色質に局在しているのに対して、転移因子は散在しており、真性染色質にも存在する。転移因子の起源や増幅過程についてはかなり解明が進んでいるものの、サテライト DNA の起源については不明な点が多い。

我々はアナナスショウジョウバエ (*Drosophila ananassae*) 亜群の各種において、キイロショウジョウバエ (*D. melanogaster*) には存在しない反復配列を発見した。そこで、この反復配列の起源、増幅機構を明らかにするために研究を行っており、これまでに以下のような結果を得た。(1) 相同性検索ではこの反復配列と相同性の高い配列は検出されなかった。(2) この反復配列はアナナスショウジョウバエ亜群の進化過程で生じ、そのコピー数は多いもので数万にも及んでいた。(3) この反復配列は異質染色質に局在する一方、真性染色質中にも散在していた。これらの結果をふまえ、この反復配列の起源、増幅機構について考察する。

### 【P2-40】 Molecular evolution of mammalian Sry

Kozo Nagai (1)\* Naruya Saitou (2)

(1)Dept. Biochem, TMU (2) Div. Popul. Genet. NIG.

The Sry gene belonging to the Sox gene family exists only in marsupials and eutherians but not in birds, reptiles and other vertebrates. However, the origin and molecular evolution of the Sry within the Sox gene family is still remained to be clarified. We thus analyzed the synonymous-non synonymous base substitution rate with amino acid sequence based phylogenetic tree, and followings were suggested. 1) The Sox gene family can be grouped into some six clusters. Sry gene seem to belong to one of cluster containing Sox 1, 2, 3, 14 and 21. 2) The Sry has significantly higher base substitution-rate than Soxes through overall sequence. 3) Higher substitution rates in nonsynonymous than synonymous ones both in whole and the HMG box of Sry were suggested to be only within a few primate species. 4) In the outside region of the Sry HMG box of some primates but also in several other mammals showed higher nonsynonymous substitution rates were suggested. We will discuss about these evolutionary significance of higher nonsynonymous substitution rates in Sry.

### 【P2-41】 軟体動物の貝殻基質タンパク質 Dermatopontin の起源と進化

更科 功(1), 山口晴代(2), 芳賀拓真(2), 千葉聡(3), 遠藤一佳(1)\*

(1) 筑波大院・生命環境科学 (2) 筑波大・生物 (3) 東北大院・生命科学

軟体動物の貝殻に含まれる少量の有機基質（主にタンパク質）は貝殻形成の制御因子として注目されている。淡水生巻貝のヒラマキガイ（有肺亜綱基眼目）の主要な殻内タンパク質である Dermatopontin のホモログは、多細胞動物に広く分布し、細胞接着や細胞外基質の凝集に関与する細胞外基質タンパク質であることが知られる。このことから Dermatopontin はカンブリア爆発での軟体動

物における貝殻の獲得に関与したタンパク質の一つと考えられてきた。そこでその起源を調べるため、基眼目およびそれと近縁な柄眼目に属する合計8種の有肺類の外套膜から計14種類の dermatopontin を同定し、系統解析を行った。その結果、有肺類の dermatopontin には2ないし3種類のパラログが存在し、それらが基眼目と柄眼目のそれぞれで遺伝子重複した可能性の高いことが分かった。また RT-PCR とリアルタイム PCR の結果から、各系統のパラログの内のそれぞれ一つが殻内タンパク質であることが強く示唆された。一次構造の比較からは糖鎖の存在が殻内タンパク質としての機能に重要であることも推測された。つまり、Dermatopontin が殻体基質タンパク質としてリクルートされたのはカンブリア紀前期ではなく、基眼目と柄眼目の系統の分岐後という比較的最近であること、そしてこのような進化が基眼目と柄眼目で独立に起きたことが示唆された。

## 【P2-42】相互的音声信号の起源と進化

吉田 重人(1)\*、岡ノ谷 一夫(2)

(1)千葉大・自然科学 (2)理研BSI・生物言語、千葉大・自然科学

双方向的な音声コミュニケーションは多くの系統で観察されており、複数回独立に進化したと考えられる。しかし、そのようなコミュニケーションを行う動物は多いとはいえない。音声のような一次元信号による双方向的コミュニケーションを成功させるための前提条件の一つとして、ターン・テイキングが挙げられる。多数の動物が相互に信号を送っている状況で、お互いを特定するための最も重要な手がかりは応答潜時であろう。動物によるターン・テイキングは、信号発信者と受信者との関係から、コーラス、デュエット、交唱のいずれかに分類可能である。コーラスはオスどうし、デュエットはオス-メス間、交唱はその他の関係の個体間で行われるターン・テイキングで、それらの機能は、配偶者の誘引、個体/群れの特異性、資源の防衛に分類可能である。昆虫のデュエットの進化に関して、自然選択、性選択による淘汰圧が相互に影響し合った結果、オスによるコーラスがデュエットに進化したのではないかと仮説がある(Bailey 2003)。著者らは収斂進化の観点から、他の系統におけるターン・テイキングの進化について考察し、今後の研究のための指針を呈示したい。もしかしたら、ヒトを含む他系統でのターン・テイキングも、昆虫での進化経路と同じような過程によって進化したのかもしれない。

## 【P2-43】ウラル語族とオーストロネシア語族の間の語頭子音対応法則の確立とウラル語族の起源

大西耕二\*

新潟大 理, 超域研

ウラル語族(URA)の系統に関しては多くの仮説が議論されてきたが、音韻対応法則を伴う厳密論議に耐える学説はなかった。本研究では、K. Re 口 dei (1988) の” Uralisches Etymologi-sches Wo\_terbuch (Bde I-III)” と D.T. Tryon (ed.) (1955) の” Comparative Austronesian Dictionary (Parts I - IV)” の語彙資料を用いて URA とオーストロネシア語族(AN)の語彙を比較し、約110項目についての同祖語彙の関係を抽出した。その結果、ANのマラヨポリネシア語族(MP)の西MPのスラウェシ語群(SLW)(Uma, Konjo等)やスダ諸語(SND)(Balinese (Bali.)等)に酷似語彙が多く共有され、オセアニア諸語(OC)にもかなりの類似語彙が認められ、それらの比較に基づいて語頭子音対応法則を得た。形態的には SLW との酷似が著しい。子音対応法則は極めて厳密に成立し、印欧語族内の対応法則と同等程度に規則的である。Finnish (Finn.)に表れる全語頭子音が AN 子音からの由来子音として対応することが示されたことの意義は大きい。特徴的な事は、(1) pAN(= proto-AN)の \*k- / \*q- は単一の[pU (=proto-URA)] \*k- で表れる。(2) pAN \*p- / \*b- は、[pU] \*p- / \*w- として区別され、多くの Oceanic のようにその区別を失ってはいない。(3) [pAN] \*h- は [Finn.] h- として保たれる。(4) [pAN] \*z- は[pU] \*r-で表れる。など。一方、Tamil 語(ドラビダ語族)はOCのWestern OCのNorth New Guinea ClusterのAdzera語に近縁で、URAとの直接近縁性ない。

**【P2-44】学習の生得的バイアス：野生種と家禽種の歌学習の比較**

高橋美樹(1), 池淵万季(2), 山田裕子(3), 岡ノ谷一夫(1)

(1)理化学研究所脳科学総合研究センター (2)金沢工業大人間情報研究所 (3)千葉大院 自然科学

飼鳥としてなじみのあるジュウシマツは、約250年前に中国より輸入されたコシジロキンバラが元となり家禽化された亜種である。ジュウシマツは家禽化の過程で子育て上手な性質や羽色によって選択、交配された。その結果、外見のみならず両亜種のうたう求愛歌にも大きな違いが見られるようになった。求愛歌をうたうには幼鳥期の学習が必要である。本研究では、ジュウシマツとコシジロキンバラの求愛歌の違いは歌学習環境の違いだけではなく、学習可能性の差異によるとの仮説をたて、「里子実験」と「里帰り実験」から検討を行った。

コシジロキンバラをジュウシマツと同じ生育環境で育てる（里子）と、コシジロキンバラの中に、歌い出しに時間がかかる個体と遷移規則が不安定な個体があった。そこで、歌が不安定なこれら2個体の里子コシジロキンバラを通常のコシジロキンバラ群に合流させ（里帰り）、歌の変化を追った。歌い出しに困難を伴う個体に変化は見られなかったものの、遷移規則が不安定であった個体については、合流後まもなくその不安定さが解消した。ジュウシマツとコシジロキンバラの歌学習可能な範囲に差があることが示唆された。今後このシステムを用いた研究によって学習の差を生み出す生得的バイアスを明らかにできるであろう。（この研究は科学技術振興機構、科研費基盤B、日本学術振興会による援助を受けた。）

**【P2-45】属サイズランクのベキ乗則とヒトの認知傾向：進化シミュレーションによるアプローチ**

小松正(1)\* 織田瑞夫(2)

(1)東京家政大 (2)(株)構造計画研究所

生物進化の分岐モデルを作成し、(株)構造計画研究所の開発した KK-Multi Agent Simulator に実装した。(1) 100×100 の計10,000 の格子からなる正方形の空間（スペース）をつくる。各格子は生態的ニッチに対応し、格子間の距離はニッチの類似度を表す。(2) 空間の中央に初めての種が出現する。種からは一定の確率（種形成確率）で近傍に新しい種が生じる。(3) ある種から見て相互作用の範囲内に存在する他の種の数（近縁種数）が求まる。この近縁種数に比例した絶滅確率で種が消失する。

種形成確率 0.1、相互作用範囲 30、絶滅確率係数 0.01 のときのシミュレーション結果が、実際の生物の化石記録から得られる種数の変動パターンと似ていた。以下、この条件で実験を行った。種数の変動パターンにマクロのスケールでも、ミクロのスケールでも、その中間スケールでも S 字曲線が現れた（種数変動のフラクタル性）。過去のある時間断面において生存している種を便宜的に祖先種と認定し、各祖先種ごとにその子孫を1つのグループ（系統）にまとめた。祖先種認定のタイミングと、系統のサイズ（種数）とランクとの関係がベキ乗分布に一致する程度、との対応を調べた結果、特に種数が増加する途中のタイミングで祖先種認定を行った場合に、ベキ乗分布への一致の程度が高くなる（R 二乗が 0.9 以上）ことがわかった。実際の生物の属サイズのデータも、多くの分類群でベキ乗分布への高い一致を示す。このことは、ヒトがベキ乗分布に従うように生物を分類する傾向をもっていることを示唆する。

**【P2-46】系統樹から迫る非生命進化：鳥居・雑煮・デジタルカメラ**

石山智明, 伊藤則人, 柴田裕介, 土松隆志\*, 池上高志

東大・広域システム

生物多様性は進化の帰結であり、生物はすべて共通の祖先が辿れるという tree of life の考え方は、進化生物学における基本的な概念である。ここで、時間発展に伴い多様化していくプロセスは生物に限った話ではなく、非生命においても広く見られる現象であると考えられる。そこで本研究は非生命多様化現象を進化と捉え、それぞれの現象の進化ダイナミクスの特徴を明らかにし、さらにその差異が生まれる背後にある非生命固有の進化メカニズムを探ることを目的とした。非生命多様化現象として雑煮・鳥居・デジタルカメラの3つに注目し、それぞれの系統樹を作成した。その上で、進化の中立性・系統性の「歪み」を測るために ultrametricity, additive metricity, 系統樹上の分岐ノードの「偏り」を測るために「下流の分岐ノードのベキ乗則」の2つの指標を導入し、定量的な議論



を試みた。また、生物の形質情報・DNA 情報から描いた系統樹と「歪み」「偏り」の比較を行った。これらの系統樹解析の結果から、非生命・生命進化固有のメカニズムについての考察を行っている。

### 【P2-47】 MrBayes を用いた原核生物と酵母の遺伝子解析による酵母細胞内小器官の起源の推定

猿橋 智(1)\*, 濱田 一男(2), 堀池 徳祐(3), 宮田 大輔(4), 篠沢 隆雄(1)

(1) 早大院・理工 (2) ラジエンスウェア(株) (3) 遺伝研・生命情報研究センター (4) 立正大・地球環境

堀池等の研究(1)により、真核生物の核は古細菌 (Pyrococcus) の真正細菌 (Proteobacteria- $\gamma$ ) への共生に由来する事が示唆された。しかし、その共生時期 (分岐年代) は、明らかになっていない。

今回の研究は、KEGG (<http://www.genome.ad.jp/kegg/>)より全ゲノム配列を決定された原核生物 130 種と酵母 2 種の ORF データと MIPS CYGD (<http://mips.gsf.de/genre/proj/yeast/index.jsp>)からの酵母遺伝子の機能別分類の情報を用いて、堀池等の研究結果の検証と分岐年代の推定を行った。分岐年代の推定には、進化速度を一定とした場合、Feng 等の式(2)により相同性から進化距離を求め、進化速度を一定としない場合、MCMC method によって進化距離を推定する MrBayes3.1 (<http://mr bayes.csit.fsu.edu/index.php>)を用いた。2 つの分岐年代推定法を行うことで、酵母の細胞内小器官における遺伝子の進化速度の違いについても考察する。

(1) Horiike et al. J Mol Evol. 2004. 59(5):606-19.

(2) Feng et al. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 1997. 94(24):13028-33.

### 【P2-48】 Multi-level evolution in the models of RNA-world

竹内信人

Theoretical Biology/Bioinformatics Group, Utrecht Univ.

Theoretical consideration claims that the stability of replicator systems in RNA-world is confronted by two problems: (1) a large mutation rate--error-threshold, and (2) "parasites". By extending the previous studies on these problem, we will illustrate the importance of studying evolution in the framework of evolution as multi-level (in time, space, individuals) processes.

Extending previous hypercycle studies, we study the evolutionary dynamics of interacting catalytic RNA-like replicators in space. In our model, catalytic interaction depends on the secondary structure and complimentary base pairing; thus, interaction topology is allowed to evolve. Our preliminary results show that (1) the replicator system becomes actually more stable with a larger mutation rate, and that (2) the system chooses different molecular structures and network topologies depending on the mutation rate.

### 【P2-49】 ニワトリにおける集団の大きさと遺伝的多型の起源

澤井裕美\*, 颯田葉子, 高畑尚之

総研大・先導科学

ニワトリ (家鶏) の家禽化の歴史は約9000年前に遡る。この間、様々な用途 (闘鶏、鑑賞、食用、信仰等) に基づく人為選択により、ニワトリは多様な形態を獲得した。家鶏の祖先と言われる野鶏には4種類 (灰色野鶏、セイロン野鶏、緑襟野鶏、赤色野鶏) 存在するが、現在の家鶏は赤色野鶏を単一の起源とすることが示されている (Fumihito et al. 1996)。野鶏とニワトリのミトコンドリア D-loop 領域の系統解析では、ミトコンドリア DNA の最新祖先配列 (MRCA)は約70~90万年前に遡る。このことは核DNAのSNPデータとも一致し、ニワトリの遺伝的多型は高度に保持されている。

本研究では、ニワトリの集団の大きさと遺伝的多様性の起源を探ることを目的として、ニワトリ・赤色野鶏・シチメンチョウ・ウズラのイントロンの塩基配列を用いてキジ科の塩基置換速度を推定した。その結果、キジ科の塩基置換速度は高等霊長類の2~3倍の早さであることが示された。さらに、ニワトリ2品種と赤色野鶏の塩基多様性からニワトリの集団の大きさとMRCAを推定した。

その結果、ニワトリの集団の大きさは他の哺乳類と比べて大きく、ニワトリにおける核遺伝子の多型は約300万年まで遡る可能性が示された。ニワトリの集団サイズが大きく多型が長期間に渡り保たれてきたことはニワトリが多様な形態を獲得しうる一要因であったが、この大きな集団サイズは野鷲祖先集団とその後の家畜化における遺伝子流入を反映していると考えられる。

## 【P2-50】モンゴル人民族集団の集団遺伝学

加藤徹(1)\*, Batmunkh Munkhbat(2), 東内健一(2), 間野修平(3), Gue-Tae Chae(4), Huun Han(5), Guan-Jun Jia(6), 徳永勝士(7), Namid Munkhtuvshin(8), 田宮元(9), 猪子英俊(2)

(1)北大院・理 (2)東海大・医 (3)名古屋市大院・システム自然科学 (4)Institute of Hansen's Disease, The Catholic Univ. of Korea

(5)College of Medicine, The Catholic Univ. of Korea (6) Harbin Red Cross Blood Center (7) 東大院・医 (8)National Institute of Medicine, Mongolia

(9)徳島大院・ヘルスバイオサイエンス

モンゴルは中国とロシアの間に位置し、人口約240万人からなる国である。モンゴルには約20もの民族集団の存在が認められており、そのうちいくつかの集団については、我々日本人を含む現在の東アジア人集団の形成過程を考える上で、重要な役割を果たしたと予想される。本研究では、モンゴルの4つの民族集団 (Khalkh, Uriankhai, Zakhchin, Khoton)、および周辺の東アジア人集団について、性染色体のSNPおよびマイクロサテライトを用いた集団遺伝学的解析を行なった。その結果、Y染色体ハプロタイプを用いた解析から、モンゴルの主な民族集団は、北東アジア地域の集団とよく似た遺伝的特徴を持つことが示された。ただし、モンゴル西部の少数民族集団 Khoton で特異的に認められた遺伝的特徴は、モンゴルと中央アジアとの関係も無視できないことを示唆する。また、X染色体のマイクロサテライト連鎖不平衡の解析から、連鎖不平衡を示す染色体の範囲が民族集団により明らかに異なることが確認された。

## 【P2-51】自然淘汰がオルガネラゲノムの塩基置換に与える影響の解析

河合洋介

東京理科大学 理工

同義置換は遺伝子の産物に影響を与えないことから、塩基置換に対する機能的制約はきわめて弱いはずである。そのため生物種や遺伝子の種類にかかわらず一様な塩基置換のパターンを持つことが期待される。しかし同義置換部位を用いた系統解析であっても、系統間の置換速度の違いが存在することが分かっている。これは同義置換部位における塩基組成の違いが遺伝子産物の翻訳効率に差が生じることが原因のひとつであると考えられている。本研究では同義置換部位における塩基組成のかたよりが自然淘汰の結果であるとして、突然変異と自然淘汰のパラメータを導入したモデルを用いて、葉緑体の *rbcL* 遺伝子の同義置換の塩基置換の解析を行った。その結果、配列間の塩基変化のパターンの違いを自然淘汰の影響として説明した。これらのことから陸上植物の同義置換部位における系統間の進化速度のばらつきは、突然変異率というより自然淘汰の影響の違いに起因すると結論付けた。

## 【P2-52】植物病原細菌ファイトプラズマの2種類の主要抗原膜タンパク質における正の選択

柿澤茂行\*, 大島研郎, 鈴木志穂, 嵐田亮, 鄭熙英, 難波成任

東大院・農

ファイトプラズマは *Mollicutes* 綱に属し、600種以上の植物に病害を引き起こす植物病原細菌である。また植物と媒介昆虫の両方に感染し、両宿主の細胞質に寄生することから、その膜タンパク質は宿主との相互作用において重要な役割を担うと考えられる。

ファイトプラズマの菌体表面はほぼ単一のタンパク質によって覆われていると考えられており、そのタンパク質は主要抗原膜タンパク質 (IDP) と呼ばれている。ファイトプラズマの種により IDP をコードする遺伝子は異なり、OYファイトプラズマでは Amp、WXファイトプラズマでは Idp、APファイトプラズマでは IMP がそれぞれ IDP として報告され、これらは互いにホモログではない。我々は OYファイトプラズマの Amp に強い正の選択圧がかかっていることをすでに報告しているが、今回、IMP にも正の選択圧がかかっている

いることを見いだした。IMPを複数種のファイトプラズマよりクローニングし、非同義/同義置換頻度の比 ( $dN/dS$ ) を全アミノ酸サイトの平均で計算したところ、いくつかの組み合わせで有意に1を超える値が得られた。またIMPの配列相同性は、IMP周辺の遺伝子と比べると顕著に低いことから、IMPは積極的に多様化していると推定された。これらの知見をふまえ、ファイトプラズマにおけるAmpとIMPの存在意義について考察したい。

### 【P2-53】海草アマモの遺伝的多様性と集団構造

加藤由実子(1)\*, 颯田葉子(2), 斉藤憲治(1)

(1)水研センター・東北水研 (2)総研大・先導研

海草は沿岸近くの海底に生える被子植物の総称である。中でもアマモ科は朝鮮半島から日本列島にかけて種の多様性が高く、この地域での適応放散の可能性が示唆されている。沿岸生態系を支えているアマモ藻場は、近年の環境悪化に伴い急激な減少が報告されるようになった。今日では各地で移植などアマモ藻場再生への取り組みが行われている。生物多様性保全を目指し、現存する野生アマモの種内遺伝的多様性や地域特性への配慮も具体化されつつある。

これまで私どもの研究グループでは、遺伝子マーカー<i>phyA</i>遺伝子の塩基配列に基づき、日本沿岸域のアマモは大きく2グループに分かれる事を報告した。この2グループは太平洋側と日本海側で偏りが見られるものの、2グループの起源は地理的隔離だけでは説明が付かない事、また遺伝的交流が広範囲で起きている可能性が示された。これらの仮説を検証するため、サンプル個体数を増やし3遺伝子の塩基配列を用い比較解析を行った。遺伝的多様性からアマモの集団構造について推定する。

一般的にアマモは多年生であるが、一部の地域では一年生アマモ藻場の存在が報告されている。この表現形の違いとアマモ種内遺伝的多様性解析について合わせて紹介し、アマモが示す遺伝学的データについて理解を深めたい。

### 【P2-54】マイクロサテライト分析による親子特定技術を利用したブナ実生個体群の動態解析

陶山佳久(1)\*, 丸山 薫(1), 富田瑞樹(2), 高橋 誠(3), 清和研二(1)

(1)東北大院・農 (2)横浜国大院・環境情報 (3)林木育種センター

ブナ天然林に出現したブナ当年生実生を対象とし、果皮のDNA分析によって実生の種子親を特定し、それらの実生の4年間にわたる動態を追跡調査した。さらに、子葉のDNAを分析することによって花粉親も特定し、種子・花粉の散布パターンや、各親個体の種子親・花粉親としての貢献度の解析を行った。

宮城県栗駒山南麓のブナ天然林に90m×90mの調査区を設定し、その中に324個の1m×1m実生調査区を設置して、2001年春(豊作翌春)に実生調査区内に出現したブナ当年生実生の個体群動態調査と親子解析を行った。実生調査区内に出現した13917個体のブナ当年生実生のうち、10710個体の実生から非破壊的に果皮のみを採取し、実生には標識を付けてその後の生残過程の追跡調査を行った。果皮DNAを用いた種子親解析については、合計2231個体の果皮について4つのマイクロサテライトマーカーの遺伝子型を調べ、287個体の成木の中から種子親を特定した。花粉親解析については果皮と子葉から別々にDNAを抽出して7つのマイクロサテライトマーカーの遺伝子型を調べ、400個体の実生の両親を特定した。

これらの解析は、親個体ごとの詳細な繁殖・更新様式解明のためのアプローチとしてきわめて有効であると考えられた。

### 【P2-55】エナメル質の炭素・酸素同位体および微量元素分析に基づく *Desmostylus* と *Paleoparadoxia* (束柱目) の食性と生息環境の復元

鵜野 光(1)\*, 米田 穰(1), 柴田 康行(1)・樽 創(2), 甲能 直樹(3)

(1)環境研・化学 (2)神奈川県立生命の星・地球博物館 (3)国立科学博物館・地学

束柱類(*Desmostylia*)は漸新世から中新世にかけて北太平洋沿岸に生息していた大型の有蹄類である。彼らが目レベルで絶滅したことや現生の哺乳類に類似の形態を持つものが見られないことから、従来の形態学的な検討では、彼らの食性や生息環境を明らかにすることができない。哺乳類体内の炭素・酸素同位体組成や微量元素組成(Ba/Ca, Sr/Caなど)は摂取した食物や水の同位体・微

量元素組成と強い相関関係がある。束柱類の化石から、生存時の同位体組成や微量元素組成を知ることができれば、彼らの食性や生息環境の推定が可能である。そこで、北海道阿寒町の中中新統殿来層から産出した束柱類の *Desmostylus* と *Paleoparadoxia* における歯のエナメル質の炭素・酸素同位体比および微量元素組成を分析し、彼らの食性と生息域を推定した。酸素同位体比から両者は共に汽水域に生息していたと考えられるが、炭素同位体比と Sr/Ca の値は有意に異なっており、食性が異なっていたと考えられる。さらに、この分析結果に基づいて対応する被食対象を現生の動植物から絞り込める可能性が高い。

### 【P2-56】チャノコカクモンハマキの交信攪乱剤に対する抵抗性とオスの EAG 応答の関係

田端 純(1)\*, 杉江 元(1), 野口 浩(1), 沼田智歩(2), 戒能洋一(2)

(1) 農業環境技術研究所(2) 筑波大 農林

性フェロモンを利用した交信攪乱剤による害虫防除は、1980年代以降に実用化され、有機合成殺虫剤に代わる、安全性の高い防除技術として注目されてきた。(Z)-11-tetradecenyl acetate(Z11TDA)は、茶樹を加害するハマキガ類に対する有効な製剤であったが、1996年頃から静岡県産のチャノコカクモンハマキ *Adoxophyes honmai* において、感受性が低下していることが報告された。Mochizuki ら(2002)が「交信攪乱剤に対する抵抗性」としたこの現象は、交信攪乱剤が野外個体群に対し人為選択作用をもたらしたことを示す最初の例である。同種雌雄間の情報伝達を阻害する交信攪乱剤に対する抵抗性の発達は、応用昆虫学的に重要な問題であるだけでなく、種内情報伝達の分化の新しいモデルケースとなる可能性がある。そこで、本研究では、実験室内で *A. honmai* を Z11TDA 処理下で飼育・選抜し、交信攪乱剤抵抗性を再現する系統を確立した。この系統を対照系統と比較することで、交信攪乱およびそれに対する抵抗性に関するいくつかの知見を得た。今回は、オスの性フェロモンに対する触角応答 (electroantennogram: EAG) にみられた結果を中心に紹介する。

### 【P2-57】植食者が植物細胞における生殺与奪・発育増殖の権限を掌握している？

徳田 誠(1)\*, 湯川淳一(2), 深津武馬(1)

(1)産総研・生物機能工学 (2)九大

植物と植食者の関係は、生物間相互作用についての研究が最もさかんに行われている系の1つである。植食者の中には、植物組織を様々に改変して食物資源や住み場所として利用するものがある。中でもゴール形成者は、細胞分裂中の組織に刺激を与えることにより、植物の形態形成に異常を誘導し、ゴールという特異的な構造として利用するというきわめて高度な能力を有する。

エゴノキハイボタマバエは、4月にエゴノキの葉にゴールを形成する。このタマバエは、エゴノキの落葉が始まる秋までゴール内で1齢幼虫として過ごし、ゴール葉を含む多くの葉が落下した9月になってようやく発育を始めた。落葉上のゴール部分の植物細胞は、同一葉中の他の細胞が枯死した後も生存し続け、ゴール内のタマバエ幼虫が発育するのに伴って、薄い円盤状から厚い半球型のゴールへと成長した。成長後のゴール部分の植物組織は、細胞数・サイズとも有意に増加していた。また、タマバエの終齢幼虫が10月にゴールから脱出すると、ゴール部分の植物細胞は枯死した。

このことから、エゴノキハイボタマバエは、通常の植物細胞が寿命を全うした後も、ゴール部分の植物細胞を延命、再成長させ、自身の発育が完了するまで利用しているものと推察された。この現象は、植物-植食者の系において、植食者が植物由来の細胞における生殺与奪・発育増殖の権限を一手に掌握していることを示唆する初めての事例であると考えられる。

### 【P2-58】 Evolution of antigen polymorphisms of malaria parasites in isolated populations

Kazuyuki Tanabe (1)\*, Naoko Sakihama (1), Hiroshi Ohmae (2), Akira Kaneko (3)

(1) Lab. Biol., Osaka Inst. Technol. (2) Inst. Basic Med. Sci., Tsukuba Univ. (3) Dept. Med., Karolinska Inst. Sweden

Surface antigen genes of the human malaria parasite, *Plasmodium falciparum*, are under intense immune pressure and show extensive polymorphism. However, little is known about frequency of the generation of novel polymorphisms. We are interested in *P. falciparum* populations in Vanuatu, in the southwestern Pacific, where malaria epidemiological settings are

suitable to test whether novel antigen polymorphism evolves rapidly because mixed genotype infections are rare and parasite populations are isolated. We analyzed SNPs and repeat-length polymorphisms in three major surface antigen genes, *msp1*, *msp2* and *csp*, in populations from 7 islands of Vanuatu in 1996 to 2002. We also sequenced simple repeat-length polymorphism at three microsatellite. Sequences of over 1 Mb obtained showed no novel SNPs in the three antigen genes. In contrast, repeat length polymorphism evolved rapidly. Analysis of 'linkage disequilibrium' between pairs of loci revealed a spectrum of population genetic structure, suggesting that some of older antigen alleles, existed prevalent before the migration of drug resistance to Vanuatu, have persisted through meiotic recombination events. We argue that SNPs in *P. falciparum* antigen genes are substantially stable in isolated populations.

## 【P2-59】ムギ類うどんこ病菌 *Blumeria graminis* における宿主-寄生者関係の進化学的研究

井沼 崇(1)\*, A. Bolay (2), S. A. Khodaparast (3), 高松 進

(1)三重大 生物資源 (2)Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Geneve, Switzerland (3) Plant Protection Coll. of Agric., Univ., Iran

自然界には共生関係や宿主-寄生者関係など異なる生物同士が密接な関係を持つ生物間相互作用が数多く存在し、生態系において重要な役割を担っている。生物間相互作用の進化的な成り立ちは、今日の生物学における主要な興味となっている。その中で宿主-寄生者関係の例として、うどんこ病菌と被子植物との関係がある。うどんこ病菌は菌界に属するカビで、被子植物に寄生して白い粉を振りかけたような病徴を引き起こすが、生きた植物上でのみ生存可能で、宿主植物を枯らすことはない。このことは、うどんこ病菌が被子植物の進化と密接に関係しながら進化してきたことを示唆している。従って、本菌の系統関係を推定することは、植物の系統関係と対応させて生物間相互作用を進化的に研究するために有用である。今回我々は、ムギ類に寄生するうどんこ病菌 *Blumeria graminis* の分子系統解析を行った。うどんこ病菌が宿主とする 9838 種の植物のうちムギ類は 634 種を占め、その寄生菌は *Blumeria graminis* 1 種とされている。我々は、ムギ類 14 属に寄生する *B. graminis* を日本、欧州、中東、南米から収集し、核 rDNA の ITS 領域および 28S 領域の塩基配列を決定した。これまでに、*B. graminis* は分子系統解析により他のうどんこ病菌とは異なる独自の単系統群になることが明らかになっているが、種内の系統関係は報告されていなかった。そこで、決定した配列をもとに系統樹を作成して種内の系統関係を明らかにすると共に、本菌とムギ類の間における進化的関連性の有無を考察する。

## 【P2-60】ライラック類うどんこ病菌のITSタイプの生物地理学的解析

瀬古た介(1)\*, A. Bolay(2), 佐藤幸生(3), L. Kiss(4), V. Heluta(5), 丹田誠之助(6), 野村幸彦(7), A. Schmidt(8),

B. Grigaliunaite(9), M. Habrylenko(10), 高松進(1)

(1)三重大生資 (2)Nyon, Switzerland (3)富山県立大 (4)Plant Prot. Inst., Hungarian Acad. Sci., Hungary (5)Int. Solomon Univ., Ukraine (6)東京都世田谷区 (7)千葉県四街道市 (8)L&uuml ; beck, Germany (9)Inst. Bot., Lithuania (10)Comahue Univ., Argentina

ライラックは街路樹や庭木として親しまれる花木であり、ヨーロッパでは19世紀に北米から侵入した *Erysiphe syringae* が寄生すると考えられている。本菌は、ヨーロッパにおいては有性世代が確認されることは希であったが、1998年以降に突然有性世代が観察されるようになり、その菌は東アジア固有種 *E. syringae-japonicae* と同定された。そこで我々は、新大陸、ヨーロッパ、ウクライナ、ロシア、東アジアで1977-2005年の間に採集された標本のrDNA ITS領域を解析した。解析の結果、形態では区別がつかないが、菌体によって2つの異なるITSタイプ(SタイプとKタイプ)に分かれた。両ITSタイプの相同性は93.7%と低かった。Kタイプの菌は、東アジアからユーラシア大陸を東から西に向かって分布を拡大し、近年ヨーロッパに侵入したことが示唆された。一方で、Sタイプの菌はKタイプの菌がヨーロッパ方面へ分布を拡大するにつれ検出されなくなり、近年ヨーロッパから採集された標本からは検出されなくなった。現在は、以下の2点の疑問について検討中である。(1)Kタイプの菌が近年急速に分布を拡大し、従来のSタイプの菌に取って代わるようになった原因について。(2)Kタイプの菌の分布拡大とヨーロッパにおいて突然有性世代が確認されるようになった現象との関連性について。

## 【P2-61】 *Wolbachia* 感染が関与するミトコンドリアの選択的 sweep：分子系統解析による日本産キチョウ2型の進化的、生物地理学的考察

成田聡子(1)\*, 野村昌史(1), 加藤義臣(2), 深津武馬(3)

(1)千葉大院・自然科学 (2)国際基督教大・生物 (3)産総研・生物機能工学

日本産キチョウは、形態、生態的形質、酵素多型、生殖隔離の程度から、種レベルで分化していると考えられている明確な2型(褐色型と黄色型)に分けられている。本研究ではこれらキチョウ2型の系統関係を明らかにするために、核DNAとミトコンドリアDNA(mtDNA)を用いた分子系統解析を行った。核DNAによる分子系統解析の結果は黄色型と褐色型を分けるものとなった。ところが驚くべきことに mtDNA が示した明確な2タイプは黄色型と褐色型に対応するものではなかった。核DNAとmtDNAの系統図が一致しない原因としては、系統ソーティング、遺伝子浸透、選択的 sweep などが考えられる。選択的 sweep の例として宿主の生殖を操作する利己的な細菌 *Wolbachia* の関与があげられる。そこで系統解析に用いた全サンプルについて *Wolbachia* 感染の有無を調べたところ、mtDNA タイプと完璧な対応関係を示した。また *Wolbachia* 感染個体は、黄色型も褐色型も同一 mtDNA タイプを持つことから、過去に交雑により、褐色型由来のミトコンドリアが黄色型キチョウに *Wolbachia* とともに遺伝子浸透し、さらに *Wolbachia* が引き起こす生殖操作によって黄色型キチョウ集団に褐色型由来のミトコンドリアが蔓延したと考えられる。また遺伝的距離から褐色型由来のミトコンドリアと黄色型由来のミトコンドリアは約200万年前に分岐したと推定された。それは日本列島の生物相を分断する重要な海峡であるトカラ海峡ができたと言われる年代に一致している。以上のことを踏まえ、キチョウの生物地理学的進化モデルを紹介する。

## 【P2-62】 内部共生細菌 *Spiroplasma* が引き起こすオス殺し現象に影響を与える宿主の遺伝的変異について

陰山大輔(1)(2)\*, 安佛尚志(2), 嶋田正和(1), 深津武馬(2)

(1) 東大院・総合文化 (2)産総研・生物機能工学

内部共生細菌による宿主の生殖操作には様々なものがあるが、特にオス宿主のみを殺す現象(オス殺し)は、*Wolbachia*, *Rickettsia*, *Spiroplasma* などの共生細菌によって引き起こされていることが多様な昆虫類において知られている。本研究ではオス殺しに対する感受性や内部共生の安定性に関して宿主側に変異が存在するかどうか、存在するならばその遺伝的基盤はどういったものかを調べることを目的とした。そこで宿主にオス殺しを起こす *Spiroplasma* を体液移植や戻し交配によってキイロショウジョウバエの様々な地域系統に導入した。導入した各系統でオス殺しの強さを比較した結果、系統間に変異が見られた。交配実験の結果とそれら各系統体内での *Spiroplasma* 密度の比較からオス殺しに対する宿主側の変異とその遺伝的基盤について考察する。

## 【P2-63】 アリの細胞質に寄生する2本鎖RNAの増殖要因

佐藤俊幸\*, 諸熊直, 藤原一孝, 廣田忠雄○, 小原嘉明, 森山裕充, 福原敏行

東京農工大 農 ○国際基督教大 生物

細胞質内に寄生的に存在する利己的複製体として、2本鎖で直鎖状のRNAが様々な昆虫で見つかっている(Miyazaki et al. 1996)。本研究では、オオアリ属の1種、ヤマヨツボシオオアリ(*Camponotus yamaokai*)において、2本鎖RNAの増殖に関わる要因について明らかにするため、飼育実験を行った。予備的実験により、女王の存在が働きアリ(以下、ワーカー)での2本鎖RNAの増殖を抑えているらしいことが示唆されていた。一般に、女王の存在はワーカーの卵巣の発達を抑制することが知られているので、2本鎖RNAの増殖(体中の組織で増殖する)は、宿主の卵巣の発達程度と相関しているものと予想し、以下のような実験を行った。有女王(女王1+大型ワーカー6+小型ワーカー24)と無女王(大型ワーカー6+小型ワーカー24)のサブ・コロニーを作成し、食物を十分に与え、1ヵ月後、大型ワーカーを解剖し、卵巣の発達程度を観察・測定するとともに2本鎖RNAの増殖の有無を確認した。その結果、無女王群で有意により高頻度で2本鎖RNAの増殖がみられ、卵巣も有意に発達していた。おそらく2本鎖RNA側が、宿主のコロニーに余計な負担を与えないよう、繁殖個体でのみ増殖するメカニズムを進化させたのかもしれない。

## 【P2-64】細菌エンドファイト共生水稲に対する害虫の適応進化を遅延させる方法のシミュレーションモデルによる検討

佐藤幸恵(1)\*、鈴木芳人(1)、小堀陽一(1)、山中武彦(2)

(1)中央農研 (2)農環研

現在、水稲の新しい害虫防除手段として、抵抗性を誘導する細菌エンドファイトの開発が進められている。しかし殺虫剤抵抗性の発達と同様に、細菌エンドファイトによる抵抗性水稲においても、加害できるバイオタイプが発達し、短期間のうちに利用できなくなる危険性がある。土壌細菌*Bacillus thuringiensis*の殺虫性タンパク質の遺伝子が導入された抵抗性作物では、バイオタイプの発達を遅延させる方法として、High dose / refuge strategyが推奨されている。これは、抵抗性遺伝子をホモでもつ害虫個体のみが生き残れるような高レベルの毒素を抵抗性作物に発現させる一方、感受性品種の栽培区を設け、抵抗性と感受性個体を交配させることにより、害虫集団内における抵抗性ホモ個体の出現頻度を低下させる方法である。しかし、細菌エンドファイトにHigh dose効果を望むのは難しいため、refuge strategyと他の害虫防除法との併用によるバイオタイプの発達の抑制を検討する必要がある。本研究では2遺伝子座（エンドファイトに対する抵抗性遺伝子とその他の防除法に対する抵抗性遺伝子）で各2対立遺伝子の決定論的個体群シミュレーションモデルにより、細菌エンドファイトとその他の防除手段の併用がそれぞれの抵抗性遺伝子頻度の増加速度に及ぼす影響を調べ、抵抗性発達を遅延させる上での効果的な併用方法について検討した。

## 【P2-65】トマト黄化えそウイルスの適応度に対する媒介虫アザミウマの感染植物選好性とそのタイミングの影響

桜井民人

東北農研セ

虫媒性植物ウイルスの適応度は、宿主植物への感染、感染後の宿主内での増殖、ベクター昆虫によるウイルス獲得、保毒虫による宿主植物への媒介の4つの要因によって規定される。トマト黄化えそウイルス(TSWV)は、このうち前者2つの要因に関わる宿主植物の防衛戦略を打ち破った結果、現在1,000種を超える宿主域を持つに至った農業生産上の重要ウイルスである。したがって、本ウイルスがその適応度を最大化するためには、後者2つの要因、すなわちベクター昆虫との関係が極めて重要になる。両者の相互作用については、主要媒介種ミカンキイロアザミウマ雌成虫によるTSWV感染株への選好性が知られている。このようなベクター昆虫の行動は一見ウイルスにとって適応的であるが、その選好性があまりに強いと感染株から保毒虫が分散せず、結果的にウイルスの適応度が低下するというジレンマが生じる。これまでの報告は7日程度の短期間の観察であったため、そのようなジレンマがどのように解消されているのか不明であった。そこで、演者は、ベクター昆虫が感染株を選好するタイミングに注目した。アザミウマによるTSWVの獲得は孵化直後の幼虫期に限定され、媒介は主に成虫期になされる。ウイルスにとって最も都合が良いのは、感染株への選好性が前者の時期に強く、後者の時期に弱いことである。本研究ではこの仮説を長期間の調査によって検証し、それを支持する結果を得た。

## 【P2-66】宿主核ゲノムに水平転移した共生細菌 *Wolbachia* ゲノム断片の構造と機能

二河成男(1)\*、今藤夏子(2)、深津武馬(3)

(1)放送大 (2)国立環境研 (3)産総研

アズキゾウムシは、核ゲノムに水平転移により獲得した共生細菌 *Wolbachia* 由来のゲノム断片を保持しており(Kondo et al. 2002 PNAS 99 14280-)、日本各地の野外系統のアズキゾウムシを調べた結果、共生細菌 *Wolbachia* 由来の転移ゲノム断片がほぼすべてのアズキゾウムシから検出された(Kondo et al. 2002 Mol. Ecol. 11 167-)。この *Wolbachia* ゲノム断片の水平転移の進化過程や分子機構を明らかにするために、全長の単離、およびその構造決定を試みている。アズキゾウムシ核ゲノム由来のコスミドライブラリーのスクリーニングより得られた転移ゲノム断片には複数の宿主昆虫由来のレトロトランスポゾンが挿入されていた。さらに、共生細菌ゲノム特異的なPCRより50以上の遺伝子が、また特異的なプローブを用いたサザンブロットより共生細菌ゲノムの10%程

度が、水平転移によりアズキゾウムシの核ゲノムに移行したことが明らかになった。この結果は、非常に大きな *Wolbachia* ゲノム断片が宿主昆虫ゲノム上に存在することを示唆している。

### 【P2-67】シロアリに共生するパラバサリア門原生生物が有する Phosphoenolpyruvate carboxykinase(PCK)の分子系統学的解析

齋田佳菜子\*(1)、井上徹志(1)、工藤俊章(2)(3)、大熊盛也(1)(2)

(1)JST-PRESTO (2)理研・工藤環境分子生物 (3)横市大院

パラバサリア門原生生物は真核生物の進化の初期に現れたと推定されており、真核生物の細胞の成り立ちを探るためにも興味深い題材である。これらの原生生物はシロアリやキゴキブリの腸内にしか生息しておらず培養が難しいため研究が進んでいなかった。

本研究ではイエシロアリ共生原生生物の混合細胞から cDNA ライブラリーを作成し、EST 解析を行なった。その結果、PCK や Malate dehydrogenase といった解糖系終段階でのリンゴ酸を介するバイパス経路を形成すると予想される代謝遺伝子が比較的多く発現していることが分かった。次に、オオシロアリに共生するパラバサリア門原生生物から獲得した PCK を加え、分子系統学的解析を行なった。その結果、真核生物の PCK は多系にわかれ、パラバサリア門原生生物の PCK は他の真核生物とは異なり、真正細菌の系統群に含まれていた。さらに、パラバサリア門内の系統群によって、PCK にもおいても二つの系統群に分かれていたことから、それぞれ異なる真正細菌と共通祖先を有することが推定された。

### 【P2-68】日本産シルビアシジミのmtDNA塩基配列とWolbachia感染との関係

平井規央 (1)・矢後勝也 (2)・谷川哲朗 (1)・石井実 (1)

(1)大阪府大院 (2)東京大院

日本産シルビアシジミ *Zizina otis* (シジミチョウ科) には、本州、四国、九州などに分布する *Z. o. emelina* (本土亜種) と、南西諸島を中心に分布する *Z. o. riukuensis* (南西諸島亜種) の2亜種が知られている。また、本土亜種の大阪府豊中市個体群 (豊中個体群) では、2系統の *Wolbachia* 感染個体と非感染個体が混在し、このうち1系統は雄殺しと思われる性比異常を起こすことが明らかになっている (2005年応動昆虫大会)。本研究では、日本国内のさまざまな生息地 (本土亜種8か所、南西諸島亜種6か所) で採集された本種について mtDNA・ND5 遺伝子の塩基配列と *Wolbachia* 感染について調査した。その結果、ND5 遺伝子の解析では、本土亜種、南西諸島亜種ごとに大きく二つの集団が認められ、それぞれ、3および4種類のハプロタイプを含んでいたが、同一個体群中に複数のハプロタイプが認められたのは、豊中個体群のみであった。また、*Wolbachia* の感染は、10か所の生息地で確認されたが、感染した *Wolbachia* の系統ごとに宿主の mtDNA のハプロタイプが同じとなる傾向が認められた。

### 【P2-69】シロアリ腸内の原生生物と細胞共生細菌の共進化関係の考察

野田悟子(1)、本郷裕一(2)、工藤俊章(2,3)、大熊盛也(1,2)\*

(1) JST-PRESTO (2) 理研環境分子生物 (3) 横市大院

シロアリと腸内のセルロース分解性の原生生物は共生の例として良く知られているが、原生生物の細胞内・表層には多様な細菌が局在して、腸内細菌のかなりの割合を占め、多重の共生系を構成している。原生生物を種ごとにマイクロマニピュレータを用いて単離し、細胞共生細菌の 16S rRNA 遺伝子配列を得、細胞の局在を特異的な蛍光プローブにより in situ で検出した。多くの原生生物種で細胞共生が見られた *Treponema* 属のスピロヘータ、および、Bacteroidales 目細菌について、原生生物-細菌の細胞共生の共進化関係を考察した。どちらのグループでも、腸内細菌群集全体から同定していた多様な系統群の中に、細胞共生細菌は独立した複数の系統に認められた。スピロヘータの場合の多くは、原生生物1細胞に異なる複数種の細菌の共生が見られた。また、近縁の原生生物種の細胞共生細菌からなる系統群が存在していたが、多くは宿主原生生物と細胞共生細菌の系統は一致しなかった。高密度に生息する腸内微生物群集のなかで複数回に原生生物への細胞共生が生じたものとも考えられる。



## 【P2-70】外生菌根菌における隠蔽種と宿主特異性について

佐藤博俊(1),湯本貴和(2),村上哲明(1)

(1)京都大院 理 (2)総合地球環境学研究所

外生菌根菌の宿主特異性の程度は、樹木と外生菌根菌の相利共生関係を理解する上で非常に重要な要因である。現在、外生菌根菌の多くは宿主特異性を欠くとされており、森林の樹木は共通の外生菌根菌をもつことで菌根のネットワークを形成しているとされている。しかしながら、菌類は形態情報の乏しさから、その種分類が非常に遅れており、隠蔽種、つまり形態の類似のために他種と混同されて認識されていない種が多数存在すると考えられる。このため、外生菌根菌では隠蔽種の存在によって宿主特異性は過小評価されている可能性が高いと考えられる。それにも関わらず、これまでこの可能性について検証した研究は皆無に等しかった。

本研究では、宿主特異性が低いとされている日本産外生菌根菌オニグチ属菌について、DNA レベルの分子情報を活用して隠蔽種の網羅的認識を試み、同時に隠蔽種の存在による宿主特異性の過小評価についても検証を行った。この結果、記載種3種のオニグチ属菌は最大11のグループに分けられ、さらにこれらは宿主特異性を欠くグループとアカガシ亜属に対して宿主特異性を持つと思われるグループに分けられることがわかった。この結果は、外生菌根菌では蔽種の存在によって宿主特異性は過小評価されている可能性を示しており、同時に宿主特異性の高い菌類の普遍性を示すものである。

## 【P2-71】オス駆動進化説：無脊椎動物への拡張

星山大介(1)\*,岩部直之(2),宮田隆(3,4,5),隈啓一(1)

(1)京都大 化学研究所 (2)京都大院 理 (3)JT生命誌研究館 (4)早稲田大 理工 (5)大阪大院 理

進化に寄与する突然変異が主として DNA の複製エラーに起因するのならば、精子の分裂回数は卵の分裂回数に比べて圧倒的に大きい(前者/後者を $\alpha$ とする)ことから、突然変異の大部分は精子、すなわち、オスで起きることになる。これがオス駆動進化説(male-driven evolution theory)の理論的背景である。雌雄の配偶子間で分裂回数や突然変異率を直接比較することは難しいが、我々は1987年、生殖細胞の分裂数が雌雄間で違ふと( $\alpha > 1$ )、常染色体および2種類の性染色体の間で突然変異率が異なることを明らかにし、分子進化学的にオス駆動進化説を検証することを可能にした(Cold Spring Harbor Symp. Quanti. Biol. vol.52, 863-867)。XX♀/XY♂型の哺乳類、魚類は $Y > A$ (常染色体) $> X$ の順に、ZW♀/ZZ♂型の鳥類では $Z > A > W$ の順に突然変異率が大きいことが理論的に予想され、実際の観測値から理論の妥当性が示されている。

理論的背景から、無脊椎動物でもオス駆動進化説は成り立つと予想されるが、これまでにその検証は行われていない。そこで本研究では、XX♀/XY♂型のケースとして、*Drosophila melanogaster*とその近縁種のゲノム配列を用いて染色体間の突然変異率を比較し、 $\alpha$ の値を推定することでオス駆動進化説の検証を行った。また、脊椎動物における $\alpha$ の推定値と比較した結果も併せて報告する。さらに、ZW♀/ZZ♂型の無脊椎動物についても解析する予定である。

## 【P2-72】自然選択説の哲学的分析

松本俊吉(1)\*,森元良太(2)

(1)東海大 総合教育センター (2)慶応大院・哲学

本発表では、自然選択説をめぐる哲学的諸問題の中から二つの主要なテーマをとりあげ、松本と森元がそれぞれ考察する。松本は、進化生物学における適応主義的方法の問題について、すなわちある説明されるべき形態的・行動的形質があったときに、それが過去の自然選択の産物であるという仮説の下に、その由来を説明しようとする方法論のはらむ問題性—その検証可能性、もしくはその対抗仮説の可能性など—について考える。特にウィルソンの社会生物学における人間の文化的行動の適応主義的説明をケース・スタディとしてとりあげる。森元は、現代の進化論における確率概念を哲学的に考察する。この確率概念をめぐる論争は十年前から生物学の哲学で活発に議論されており、その中の一つに、この確率概念が進化現象の実在性を表わしているかという、科学的实在論の議論がある。本発表では、自然選択説を一つの事例としてとりあげ、これを道具主義的観点から扱い、科学的实在論の主張を吟味する。そこでは、フィッシャーや木村資生の提起した自然選択モデルと情報理論が数学的手法に関して同じであることを示し、また自然選

択モデルの前提を統計力学モデルの前提と比較・分析することにより、自然選択モデルは情報理論の一部とみなしうることを、そして道具主義的に解釈できることを結論とする。

### 【P2-73】種脳クオリア論：クオリア・史得記憶/習得記憶マッチングとは何か

水幡正蔵

在野の研究者

「種脳クオリア」は、従来の人脳限定的な「クオリア（質感）」概念を、「種脳」（動物一般脳）の機能用語とするため生物学的再定義を行ったものである。そもそも＜新今西説＞では「種脳」を、「感覚入力から個体の生存・交配有利度を高める行動解を算出する高度情報処理器官（生体コンピュータ）」と規定する。このような「種脳」内部信号としての「クオリア」は、「種脳プログラム」による環境入力（個体内部環境も含む）の翻訳過程で発生する。「種脳プログラム」は感覚系・判断系・運動系の翻訳処理に大別できるが、このうちクオリア（質感）の表象に関わるものは感覚系と判断系で発生する信号と考えられる。それぞれを感覚系クオリア、判断系クオリアと呼ぶと、前者は「潜在的な気づき」（アウェアネス）の状態を、後者は「意識的な認知」を各々種脳内に表象する。つまりたとえば天敵が視野の中にあっても漠然と見ているうちは「潜在的気づき」（感覚系クオリア）である。ところが視野の中からある対象を天敵とみなすと「意識的認知」（判断系クオリア）である。ここで「意識的認知」は感覚系クオリアと記憶のマッチングによって起こる。つまり蛇なら蛇の視覚記号として翻訳された感覚系クオリアが種脳内にある史得記憶/習得記憶とマッチングし、判断系クオリア（ex 気持ち悪い）を発生する。それは「生存・交配有利度指標」でもあり、行動解（ex 逃げる）を算出するデータとなる。