日本進化学会第 25 回沖縄大会

進化研究の原点回帰－進化学者よ！フィールドに出よう

大会長：　辻　和希（琉球大学農学部）

2023 年　8 月 31 日－9 月 1 日　琉球大学共通教育棟

9 月 2 日－9 月 3 日　沖縄県市町村自治会館

大会プログラム・要旨集

お問い合わせ：日本進化学会第 25 回沖縄大会事務局
shinka2023okinawa@gmail.com　https://w3.u-ryukyu.ac.jp/anthropology/shinka2023

■協賛

沖縄観光コンベンションビューロー　様　https://www.ocvb.or.jp/
理系漫画制作室　様　https://www.sciencemanga.jp/

■日本進化学会第 25 回大会実行委員会

大会長：　辻　和希（琉大・農）
準備委員長：　木村　亮介（琉大・院医）
実行委員：
池川　雄亮（沖縄県病害虫防除技術センター）
久保田　康裕（琉大・理）
佐藤　矩行（OIST）
下地　博之（琉大・農）
杉尾　幸司（琉大・教）
竹村　明洋（琉大・理）
鶴井　香織（琉大・農）
富永　篤（琉大・教）
日室　千尋（沖縄県病害虫防除技術センター）
本間　淳（沖縄県病害虫防除技術センター）
松浦　優（琉大・熱生研）
松平　一成（琉大・院医）
松波　雅俊（琉大・院医）
松本　晶子（琉大・国際）
山平　寿智（琉大・熱生研）
渡邉　寛（OIST）
和智　仲是（琉大・熱生研）

■お問い合わせ先

日本進化学会第 25 回（沖縄）大会事務局
E-mail: shinka2023okinawa@gmail.com

日本進化学会第 25 回大会　大会プログラム・要旨集
2023 年 8 月 30 日（第 4 版）

Copyright 2023 The Society of Evolutionary Studies, Japan
All rights reserved (無断転載禁止)

表紙画：　知花幸修

目次

日本進化学会第 25 回大会　プログラム 3

■大会長ご挨拶 4

■大会概要 5

■会場までのご案内 6

■フロアマップ 10

■タイムスケジュール 12

■参加者へのご案内 14

■発表者への注意事項 16

8 月 31 日-9 月 1 日の催し　琉球大学共通教育棟 17

■シンポジウム 18

■一般口頭発表 33

9 月 2 日-9 月 3 日の催し　沖縄県市町村自治会館 45

■プレナリー講演 46

■日本進化学会総会 48

■2023 年度学会賞授賞式 48

■進化学夏の学校 49

■市民公開講座 50

■高校生ポスター発表 52

■一般ポスター発表 54

日本進化学会第 25 回大会　要旨集 69

日本進化学会第 25 回大会

プログラム

■大会長ご挨拶

このたび感染症の流行がなければ 3 年前に開催予定だった沖縄大会が開催の至りとなりました。学会大会のいちばんの醍醐味は普段は会えない人と接し、そして議論できることでしょう。沖縄大会では、ここ数年対面での議論が滞ったことによる弊害、とくに学部生・院生が失った機会を取り戻すべく、全面対面方式で開催します。一般講演、シンポ、夏の学校、高校生ポスター賞、外国人招聘研究者による基調講演、そして懇親会（感染症対策も考慮し野外ビーチパーティ方式で行います）も、コロナ前のやり方に戻しました。さらに昼間の会議から懇親会の時間に至るまで、託児所などを極力配置し、ご家族で来沖される参加者に配慮した運営方針で進めるよう計画しております。開催地の特徴を反映させ『フィールド進化生物学』を大会のテーマとしました。公開シンポジウムでは、昨今議論されています沖縄国立自然史博物館構想をバックアップするかたちで、博物館と進化研究にスポットを当てました。また、大会参加者は沖縄県立博物美術館で開催中の『みんなの進化展』を入場料割り引きでご覧になれます。皆様、夏休みの最後のひとときをぜひ進化学会沖縄大会に参加し、楽しくお過ごしください。

日本進化学会第 25 回大会　大会長　　辻　和希

ご参加の皆様へのお願い

本大会は、一般財団法人沖縄観光コンベンションビューローによるコンベンション開催支援事業から、支援金を受けて開催されております。支援を受けるにあたり、参加者の皆様へのアンケート実施を行い、参加者の 2 割以上の回答が必須となっております。お手数をおかけいたしますが、ご協力お願い致します。

アンケート回答：　https://forms.office.com/r/ZZv0mnvEBD

■大会概要

会期：　2023 年 8 月 31 日（木）～9 月 3 日（日）
会場：　琉球大学千原キャンパス共通教育棟（8 月 31 日～9 月 1 日）
　　沖縄県市町村自治会館（9 月 2～3 日）
大会テーマ：　「進化研究の原点回帰－進化学者よ！フィールドに出よう」
大会ホームページ：　https://w3.u-ryukyu.ac.jp/anthropology/shinka2023/

◆大会日程

8 月 31 日（木）琉球大学共通教育棟
- 13:00　シンポジウム　S01-S05
- 15:10　一般口頭発表

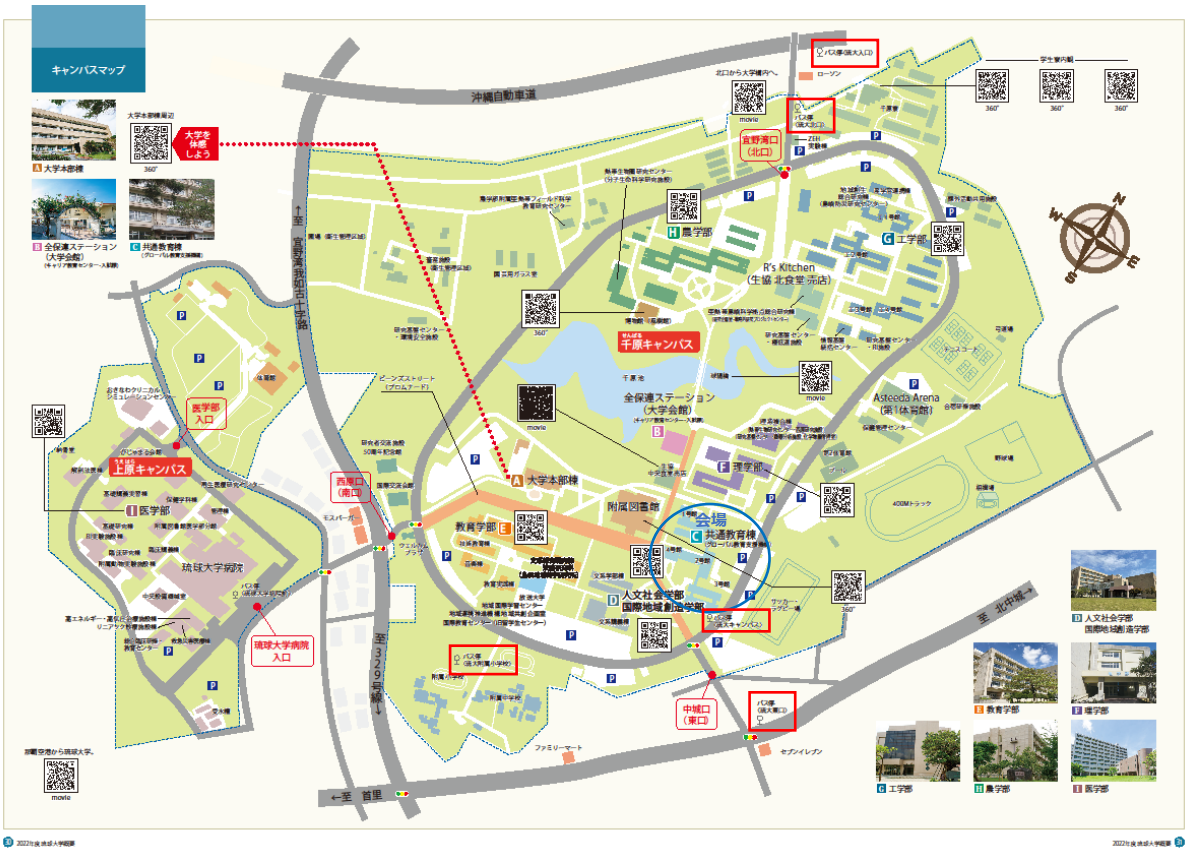
9 月 1 日（金）琉球大学共通教育棟
- 9:30　一般口頭発表
- 13:00　シンポジウム　S06-S10
- 15:10　シンポジウム　S11-S14

9 月 2 日（土）沖縄県市町村自治会館
- 9:00　プレナリー講演
- 11:00　高校生ポスター発表(コアタイム)
- 13:00　一般ポスター発表(コアタイム，奇数)
- 13:30　一般ポスター発表(コアタイム，偶数)
- 14:00　高校生ポスター発表表彰式
- 14:30　会員総会
- 15:30　学会賞授賞式
- 15:50　日本進化学会賞受賞講演
- 18:00　懇親会（会場：コージービーチクラブ）

9 月 3 日（日）沖縄県市町村自治会館
- 9:00　進化学夏の学校
- 11:00　一般ポスター発表(コアタイム，偶数)
- 11:30　一般ポスター発表(コアタイム，奇数)
- 13:30　口頭発表賞・ポスター発表賞授賞
- 14:00　市民公開講座

■会場までのご案内

琉球大学千原キャンパス構内図



- 琉球大学千原キャンパスへの入り口は以下です。
  - ・南口（モスバーガーが目印）
  - ・東口（セブンイレブンが目印）
  - ・北口（ローソンが目印）
- 最寄りのバス停は以下です（バスの乗り換え案内は次のページにあります）。
  - ・琉球大学附属小学校
  - ・琉大キャンパス
  - ・琉大東口
  - ・琉大北口
  - ・琉大入口
- 中央生協（食堂）の営業は 11:30～15:00（オーダーストップ 14:30）。
- 生協以外でのランチは東口の近辺が便利です。
- お車でお越しの方は共通教育棟付近の駐車場が便利です。駐車の際には、フロントガラスの内側に「日本進化学会参加者」と書いた紙を置いてください。

路線バスの乗り換え案内

・ 下記のサイトもご参照ください。
　・琉球大学アクセス　https://www.u-ryukyu.ac.jp/access/
　・バスロケーションシステム　http://www.daiichibus.jp/map/
　・沖縄県ハイヤータクシー協会無線局一覧　https://www.oki-taxi.or.jp/call.html

・ タクシーでお越しの際は、「琉大東口の門から入ってすぐのところ」とお伝えください。

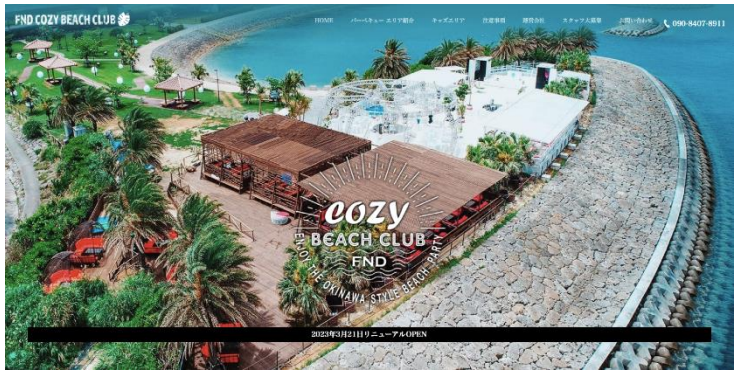
沖縄県市町村自治会館案内図

- 沖縄県市町村自治会館アクセス　http://okinawa-jichikaikan.com/?page_id=136
- モノレールでお越しの方は、旭橋駅から直結しています。
- バスでお越しの方は、バスターミナル正面です。
- 沖縄県市町村自治会館の駐車場は利用できません。お車でお越しの際は、近隣の有料駐車場にお停めください。

懇親会会場:　コージービーチクラブ　Cozy beach club

住所: 沖縄県那覇市辻３丁目ー2 波の上うみそら公園内

https://cozy-7.com/

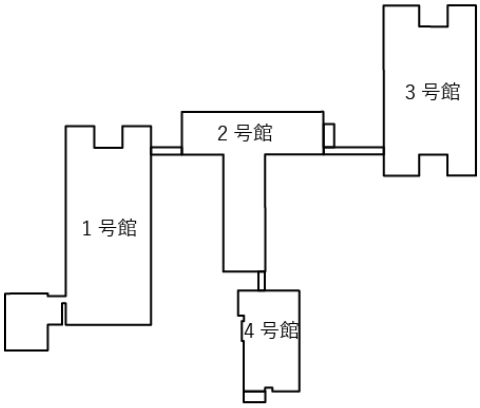


- 沖縄県市町村自治会館からは徒歩で 25 分程度(約 2 km)、車で 7 分程度になります。
- タクシーを利用される方は、那覇バスターミナルのタクシーの乗り場から乗り合いでお願いします。
- タクシーは､｢那覇ビーチサイドホテル前のニッポンレンタカー｣で下車し､高架橋の下をくぐって､緑地公園を海に向かって右手にお進みください。
- お車で来場の方は、近隣にある「波の上うみそら公園駐車場」にご駐車ください。
  https://www.naminouebeach.jp/access/
- 波の上うみそら公園駐車場からコージービーチクラブへは高架橋沿いに歩いて数分です。駐車場直ぐ側にある別の BBQ 施設 Resort Magic と間違えないよう、ご注意ください。
- 参考までに波の上うみそら公園駐車場の料金は以下になります。
  30 分以内：無料、30 分以上～1 時間以内：200 円
  以後、1 時間ごとに 100 円を加算、24 時間以内の限度額：500 円
- 歩行が困難であったり、幼児がいたりする場合には、駐車場から会場までの無料送迎サービスがありますので、次の番号までご連絡ください：　090-8407-8911 (Cozy beach club)

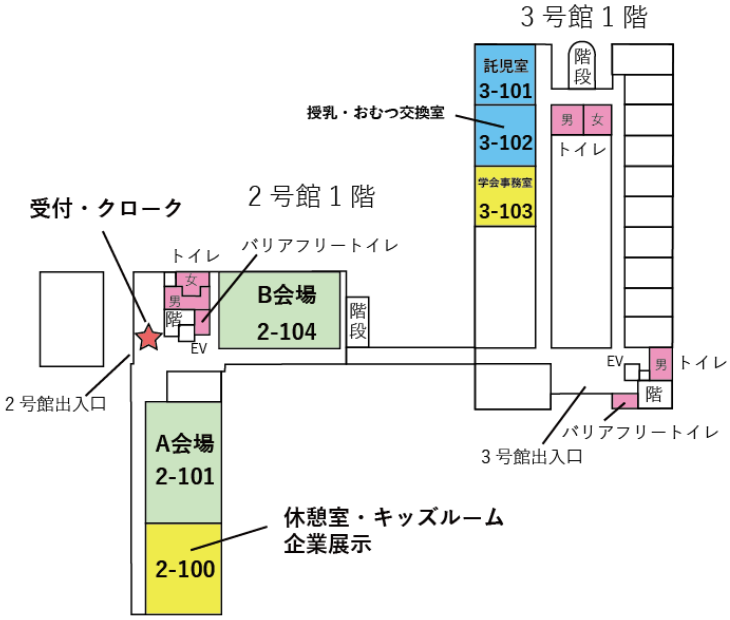
■フロアマップ

8 月 31 日-9 月 1 日会場：　琉球大学共通教育棟

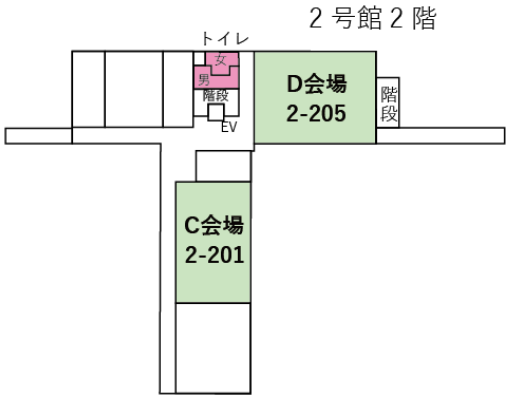
共通教育棟全体図



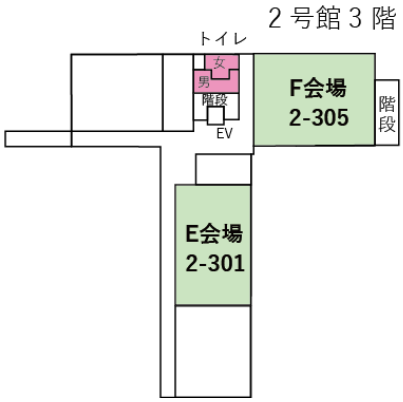
共通教育棟 1 階



共通教育棟 2 階

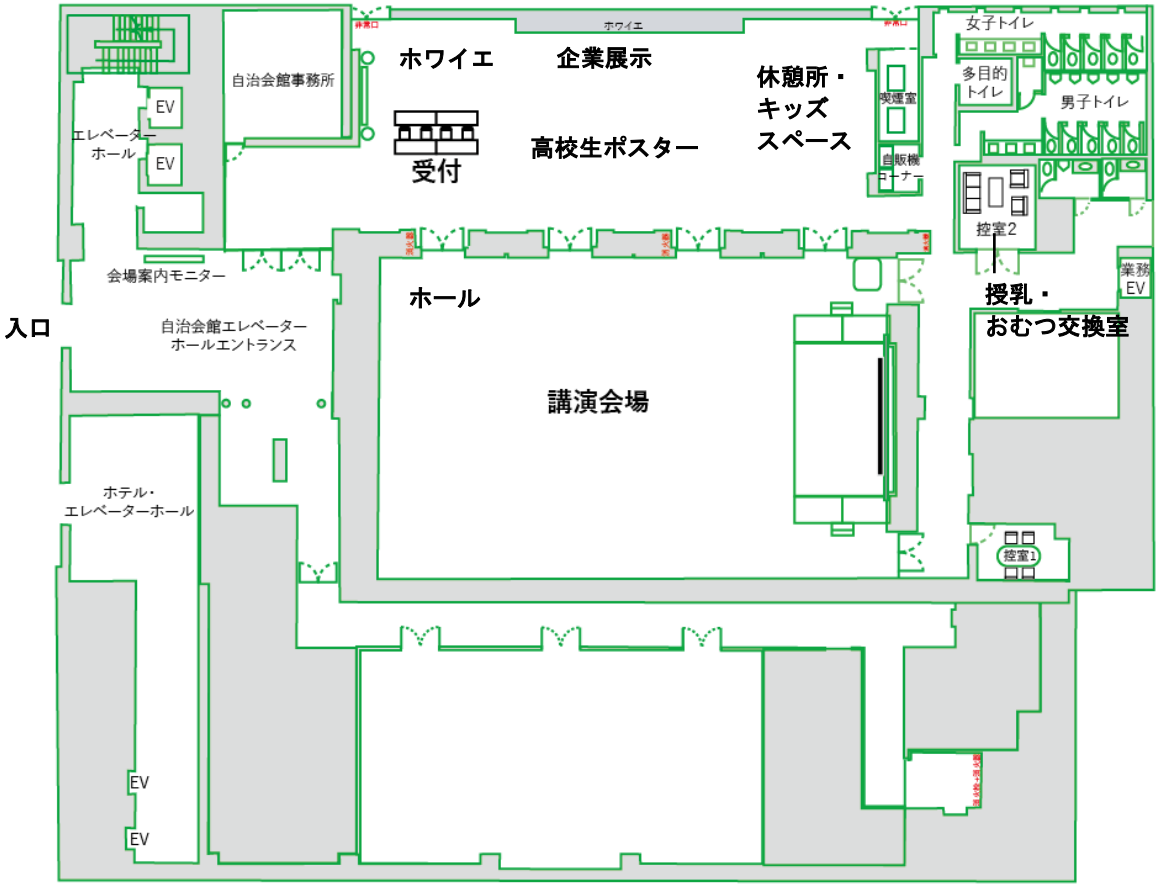


共通教育棟 3 階

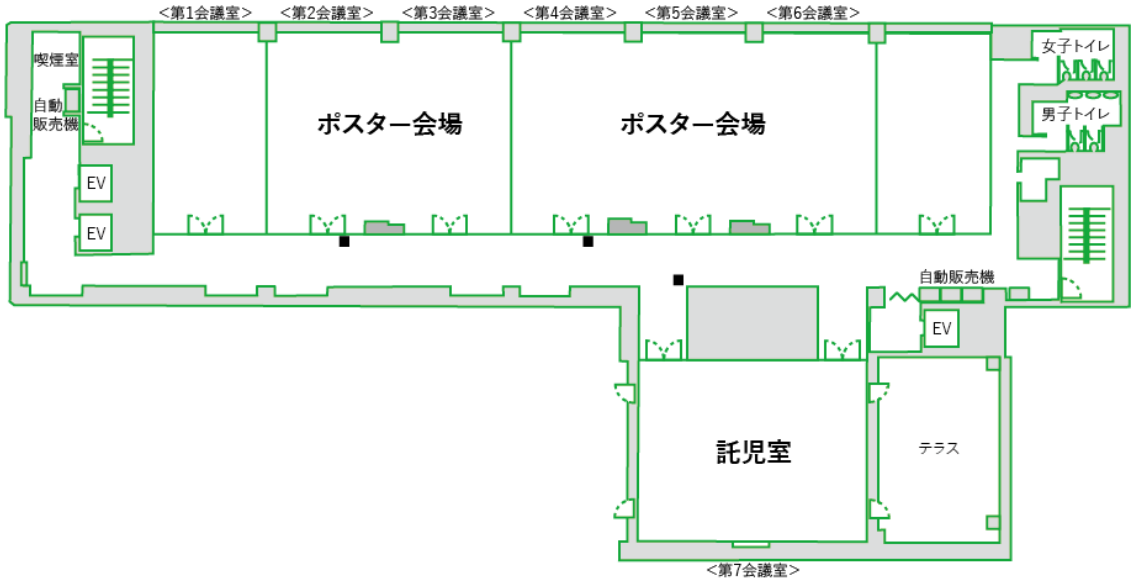


9 月 2-3 日会場：　沖縄県市町村自治会館

自治会館 2 階



自治会館 4 階



■タイムスケジュール

2023 年 8 月 31 日（木）：　琉球大学共通教育棟（西原町）

	会場 A 2-101	会場 B 2-104	会場 C 2-201	会場 D 2-205	会場 E 2-301	会場 F 2-305
セッション 1 13:00-15:00	S01 人工の意識と言語・その進化		S02 水生無脊椎動物のパラロガスゲノミクス	S03 統合生物考古学～生物進化の視点から	S04 線虫の多様性で切り開く進化研究の未来	S05 植物の多様性を生み出す進化
セッション 2 15:10-17:25	人工の意識と言語・その進化	一般口頭発表 O1B-01～08 座長：　寺井洋平, 安藤俊哉	一般口頭発表 O1C-01～08 座長：　岡田泰和, 三澤計治	一般口頭発表 O1D-01Y～09Y 座長：　佐藤大気, 田中良弥	一般口頭発表 O1E-01～08 座長：　中川草, 菅裕	一般口頭発表 O1F-01Y～09Y 座長：　荒川那海, 藤本真悟

2023 年 9 月 1 日（金）：　琉球大学共通教育棟（西原町）

	会場 A 2-101	会場 B 2-104	会場 C 2-201	会場 D 2-205	会場 E 2-301	会場 F 2-305
セッション 3 9 : 30-11 : 30	一般口頭発表 O2A-01～08 座長：　今西規, 鈴木誉保	一般口頭発表 O2B-01～08 座長：　植松圭吾, 山﨑曜	一般口頭発表 O2C-01～08 座長：　小川浩太, 柿岡諒	一般口頭発表 O2D-01Y～08Y 座長：　土松隆志, 古賀皓之	一般口頭発表 O2E-01～08 座長：　安齋賢, 川合佑典	一般口頭発表 O2F-01Y～08Y 座長：　長田直樹, 手島康介
11:30-13:00						
セッション 4 13:00-15:00	S06 進化学者が子を抱えてガッツリ研究発表する．果たして無事終えることができるのか？！		S07 動物の多様な細胞死に進化の光を照らす	S08 大規模データ時代の進化解析ソフトウェアを展望する	S09 新機軸を生む形態進化をどう理解するか	S10 ミクロフィールドをのぞき込む～ドリル戦車で解き明かす微生物が動く意味～
セッション 5 15:10-17:10			S11 進化の予測はどこまで可能なのか？マルチスケール進化解析からせまる	S12 根井正利先生追悼シンポジウム～進化遺伝学の歴史と今後の展望～	S13 ゲノム情報から明らかにする野外生物の進化生態	S14 タンパク質の人工進化：古代タンパク質復活から de novo タンパク質デザインまで

2023 年 9 月 2 日（土）：　沖縄県市町村自治会館（那覇市）

	ホール	ホワイエ	ポスター会場
9:00-11:00	プレナリー講演　PL-01, PL-02	10:00～　高校生ポスター掲示	
11:00-12:00		高校生ポスターコアタイム	11:00～　一般ポスター掲示
12:00-13:00			
13:00-13:30			一般ポスターコアタイム（奇数）
13:30-14:00			一般ポスターコアタイム（偶数）
14:00-14:30	高校生ポスター発表表彰式		
14:30-15:30	会員総会		
15:30-15:50	学会賞授賞式		
15:50-16:50	日本進化学会賞受賞講演		

18：00 から懇親会（コージービーチクラブ）

2023 年 9 月 3 日（日）：　沖縄県市町村自治会館（那覇市）

	ホール	ホワイエ	ポスター会場
9：00-11:00	進化学夏の学校		
11:00-11:30			一般ポスターコアタイム（偶数）
11:30-12:00			一般ポスターコアタイム（奇数）
12:00-13:30			
13:30-14:00	口頭発表賞・ポスター発表賞授賞	～14:00　高校生ポスター撤去	～14:00　高校生ポスター撤去
14:00-17:00	市民公開講座		

■参加者へのご案内

◆一般注意事項

・ 発表中の写真撮影、録画、録音、ポスターの撮影などは禁止です。
・ 発表内容の学会以外への公表はご遠慮ください。
・ 指定の場所（喫煙所）以外での喫煙はご遠慮ください。

◆受付

・ 受付は、8 月 31 日-9 月 1 日は琉球大学共通教育棟 2 号館 1 階、9 月 2-3 日は沖縄県市町村自治会館ホワイエに設置しています。
・ 初日 8 月 31 日は 12:00、2 日目以降は 8：30 から受付を開きます。初日は受付は込み合いますので、時間に余裕をもってお出でください。
・ 高校生・大学学部生は、大会参加費が無料です。当日に学生証を提示してください。
・ 受付にて、大会参加証および領収書をお渡しいたします。会場では、大会参加証を必ず身に付けてください。
・ 参加費の未払いや不足のある方は、当日受付にて徴収させていただきます。
・ 当日の大会参加も可能です。

◆クローク

・ 受付横にて、お荷物をお預かりいたします。クロークの開設時間は、以下の通りです。
　　8 月 31 日　12:30-17:30、
　　9 月 1-3 日　8:30-17:30

◆託児室

・ 会場に設置する託児室は、事前にお申込みいただいた方のみが利用できます。
・ 事前に託児を申し込まれた方は全て、突然の発熱等の際に病児保育をご利用頂けます。当日、お子様が体調を崩された場合は、お子様の安全のため、病児保育室の利用前に各自で医療機関を受診戴けますようお願い致します。お子様の急な発熱に備え、お子様の保険証をご持参戴くとよいかと思います。
・ 利用初日に、大会受付にて大会期間を通じた利用料金の合計を現金でお支払いください。
・ 8 月 31 日-9 月 1 日は琉球大学共通教育棟 3-101 室、9 月 2-3 日は沖縄県市町村自治会館 4F 第 7 会議室に託児室を設置いたします。
・ 託児室の開設時間は、以下の通りです。
　　8 月 31 日　12:30-17:30
　　9 月 1 日　8:30-17:30
　　9 月 2 日　8:30-17:30　懇親会会場 18:00-21:00
　　9 月 3 日　8:30-17:30
・ 9 月 2 日の懇親会で託児室を利用される方は、保護者の方ご自身でお子様を懇親会会場までお連れ下さい。当日、夕方まで託児室をご利用の方も、一旦 17:30 までにお子様のお迎えに来て戴き、懇親会会場で改めてお子様をお預かりする形になります。ご協力のほどよろしくお願い致します。

◆授乳・おむつ交換室、休憩所・キッズスペース

・ 会場には、どなたでもご利用いただける授乳・おむつ交換室を設置しています。
・ お子様と一緒にくつろげる休憩所・キッズスペースも設置していますので、ご利用ください。
・ 常駐スタッフは置きませんので、ご利用の際には保護者が必ず付き添い、保護者の責任において、ご利用ください。

◆企業展示

・ 企業展示は、8 月 31 日-9 月 1 日は琉球大学共通教育棟 2-100、9 月 2-3 日は沖縄県市町村自治会館ホワイエで行います。
・ 参加企業の方は、大会初日 8 月 31 日 12:30 に受付にお出でください。

◆懇親会

・ 懇親会は 9 月 2 日（土）18：00 から、波の上うみそら公園内にある「コージービーチクラブ cozy beach club」（https://cozy-7.com/）でバーベキューを予定しています。
・ 屋根付きですので、多少の雨は問題ありません。台風など天候事由によりお店が閉場を決定した場合は、会費の取り扱いも含め大会 HP および当日の大会会場でお知らせします。
・懇親会にはご家族を同伴可能です。ご家族で沖縄の夏の夜を楽しみましょう！同伴ご家族の料金は、以下の通りです。

０～小学生以下：	無料
中学生～１９歳：	4500 円
２０歳以上：	6000 円

・ 懇親会への参加は、本人および同伴ご家族ともに、前日 9 月 1 日（金）15:30 まで受付にて受け付けます。その際、お支払いもお願いします。
・ 大会参加者ご本人の懇親会参加料金は、以下の通りです。

一般会員：	8000 円
学生会員：	5000 円
非会員：	8000 円
学部生：	5000 円

◆インターネット接続

・ ゲスト wifi 環境をご用意いたします。ID とパスワードは、会場にてお知らせいたします。
・ 琉球大学共通教育棟会場（8 月 31 日-9 月 1 日）では、eduroam による無線 LAN も利用できます。eduroam 加盟機関の方は、あらかじめ所属機関でアカウントを取得されることをお勧めします。
・ ゲスト wifi 環境について、回線速度の保証はできませんので、個人の wifi ルーターをお持ちの方は、ご用意ください。

◆みんなの進化展割引

・ 大会開催期間中、沖縄県立博物館・美術館にて「みんなの進化展」が開催されています。
大会参加者は参加証を窓口でみせることで、入場券が割引になります。
場所：沖縄県立博物館・美術館
期間：2023 年 9 月 3 日まで
入場料：一般：¥1,200 ▶ ¥960（割引料金），高・大学生：￥700 ▶ ￥560（割引料金）

■発表者への注意事項

◆シンポジウム講演および口頭発表

・ 本大会は原則、対面参加に限ります。特に一般口頭発表および視聴者のオンライン参加はできません。シンポジウムでの発表者のオンライン参加は、企画者の判断と責任において行ってください。
・ 発表者はパソコンを持参し、ご自身による操作をお願いします。プロジェクターには D-Sub15 ピンまたは HDMI ケーブルで接続しますので、変換コネクターが必要な場合は必ずご持参下さい。
・ プレゼンテーションの画面は、解像度 ~~1920×1280~~1280×960、画面比率 4：3 を推奨いたします。
・ 持参したパソコンの接続確認と試写は、セッション開始前の空き時間に各発表会場で済ませてください。
・ 接続の不具合などの対策のため、講演用ファイルを USB 等でもご持参ください。
・ パソコンの持ち込みができない方は、講演用の PDF もしくは PowerPoint ファイルを USB 等でご持参いただき、セッション開始前に発表会場係へお申し出ください。

◆シンポジウム講演

・ シンポジウムの進行は企画者の方々に委ねております。企画者は決められた時間を厳守するようお願い致します。ベルを鳴らすタイミングはセッションが始まる前に企画者から会場のタイムキーパーへお伝え下さい。

◆口頭発表

・ 一般口頭発表の座長の方は、時間厳守でセッションを進行してください。発表者は座長の指示に従って発表を行って下さい。
・ 一般口頭発表の持ち時間は発表 12 分、質疑応答 3 分です。一鈴 10 分、二鈴 12 分、三鈴 14 分 30 秒です。時間は厳守して下さい。
・ 一般口頭発表では、前の講演者の発表終了までに次の講演者は次演者席へ移動し、パソコンを接続してください。セッションの円滑な進行にご協力お願いいたします。
・ 口頭発表賞対象のセッションは、英語での発表となります。
・ 口頭発表賞の授賞は、9 月 3 日（日）13：30～ホールにて行われます。

◆一般ポスター発表

・ 一般ポスターの会場は、沖縄県市町村自治会館 4F にございます。9 月 2 日（土）の 11：00 から 3 日（日）14：00 まで掲示可能です。
・ 一般ポスターは A0 相当のサイズが貼付け可能です。ポスターはパネルにテープで張り付けてください。テープは、ポスター会場で用意致します。
・ 一般ポスター発表のコアタイムは、9 月 2 日（土）13：00～14:00（奇数番号 13：00～13：30、偶数番号 13：30～14：00）および 9 月 3 日（日）11：00～12:00（偶数番号 11：00～11：30、奇数番号 11：30～12：00）です。
・ ポスター発表賞の授賞は、9 月 3 日（日）13：30～ホールにて行われます。

◆高校生ポスター発表

・ 高校生ポスターの会場は、沖縄県市町村自治会館 2F ホワイエです。9 月 2 日（土）の 10：00 から 3 日（日）14：00 まで掲示可能です。
・ 高校生ポスターは A0 相当のサイズが貼付け可能です。ポスターはパネルにテープで張り付けてください。テープは、ポスター会場で用意致します。
・ 高校生ポスター発表のコアタイムは、9 月 2 日（土）11：00～12:00 です。
・ 高校生ポスター発表の表彰式は、9 月 2 日（土）14：00～14:30 にホールにて行われます。

8 月 31 日-9 月 1 日の催し

琉球大学共通教育棟

■シンポジウム

シンポジウム一覧

S01: 人工の意識と言語・その進化
8 月 31 日（木）13:00-17:10：　A 会場
S02: 水生無脊椎動物のパラロガスゲノミクス
8 月 31 日（木）13:00-15:00：　C 会場
S03: 統合生物考古学～生物進化の視点から
8 月 31 日（木）13:00-15:00：　D 会場
S04: 線虫の多様性で切り開く進化研究の未来
8 月 31 日（木）13:00-15:00：　E 会場
S05: 植物の多様性を生み出す進化
8 月 31 日（木）13:00-15:00：　F 会場
S06: 進化学者が子を抱えてガッツリ研究発表する。果たして無事終えることができるのか？！
9 月 1 日（金）13:00-15:00：　A 会場
S07: 動物の多様な細胞死に進化の光を照らす
9 月 1 日（金）13:00-15:00：　C 会場
S08: 大規模データ時代の進化解析ソフトウェアを展望する
9 月 1 日（金）13:00-15:00：　D 会場
S09: 新機軸を生む形態進化をどう理解するか
9 月 1 日（金）13:00-15:00：　E 会場
S10: ミクロフィールドをのぞき込む～ドリル戦車で解き明かす微生物が動く意味～
9 月 1 日（金）13:00-15:00：　F 会場
S11: 進化の予測はどこまで可能なのか？マルチスケール進化解析からせまる
9 月 1 日（金）15:10-17:10：　C 会場
S12: 根井正利先生追悼シンポジウム～進化遺伝学の歴史と今後の展望～
9 月 1 日（金）15:10-17:10：　D 会場
S13: ゲノム情報から明らかにする野外生物の進化生態
9 月 1 日（金）15:10-17:10：　E 会場
S14: タンパク質の人工進化：古代タンパク質復活から de novo タンパク質デザインまで
9 月 1 日（金）15:10-17:10：　F 会場

S01： Artificial consciousness and language - its evolution
人工の意識と言語・その進化

オーガナイザー： 池上高志（東京大）
8 月 31 日（木）13:00-17:10： A 会場
使用言語：日本語

2010 年以降の AI の進歩により，いま，意識に関する認識や研究も刷新されようとしている．特に去年の 11 月に登場した chatGPT（広くはその数年前から進んでいる LLM（large Language model の研究)は，言語という視点，シンボルの世界に再び強く光を当てることになった．このシンポジウムでは，身体性の問題，言語の問題，人工の意識，AI allignment など，について各自の最近の研究からアイディアを持ち合って議論する．

13:00-13:05 はじめに
13:05-13:30 **S01-01： Will the android ALTER be conscious?**
アンドロイド ALTER は意識をもつか
○池上高志 東京大・総文
13:30-13:55 **S01-02： Exploring Robotic Minds Using the Free Energy Principle**
○谷淳 沖縄科学技術大学院大
13:55-14:20 **S01-03： Dynamic brain and mind in which evolutionary dynamics are embedded**
進化が埋め込まれた脳と心のダイナミクス
○津田一郎 中部大学・創発学術院
14:20-14:50 議論
14:50-15:10 休憩
15:10-15:35 **S01-04： Others-Origin of Mind**
心の他者起源論
○岡ノ谷一夫 帝京大・先端総合研究機構
15:35-16:00 **S01-05： Absential relation in evolution**
○郡司ペギオ幸夫 早稲田大・基幹理工
16:00-16:25 **S01-06： AI alignment and conscious supremacy**
○茂木健一郎 [1,2]
[1] ソニーコンピュータサイエンス研究所 [2] 東京大・院広域科学
16:25-17:05 議論
17:05-17:10 おわりに

S02： Paralogous genomics of aquatic invertebrates
水生無脊椎動物のパラロガスゲノミクス

オーガナイザー： 牧野 能士（東北大），平瀬 祥太朗（東京大）
8 月 31 日（木）13:00-15:00： C 会場
使用言語：日本語

水生無脊椎動物は陸生無脊椎動物と比較して非常に多くの重複遺伝子をゲノム中に有している．このことは，水生無脊椎動物の進化過程において様々なスケールの重複が繰り返し起き，生物の進化を駆動してきたと考えられる．このようなゲノム特性を持つ水生無脊椎動物について，種，集団，ゲノム，染色体といった異なる階層の遺伝子重複研究を紹介し，パラロガスゲノムがもたらす生物進化理論の再構築について議論したい．

13:00-13:10 はじめに

13:10-13:35 **S02-01： Tackling genomic and chromosomal evolution through analysis of subtelomeric repetitive sequences**
サブテロメア反復配列から迫るゲノム・染色体進化
○宇野 好宣 東大・院総合文化

13:35-14:00 **S02-02： Diversity of the NLR-like gene family in haplotype-phased genome assembly of the pearl oyster**
アコヤガイのハプロタイプ別ゲノムアセンブリから明らかになった NLR 遺伝子ファミリーの多様性
○竹内猛 沖縄科技大

14:00-14:25 **S02-03： Population paralogous genomics: speciation and adaptive evolution of Japanese abalone species**
集団パラロガスゲノミクスで迫る日本産アワビ類の種分化と適応進化
○平瀬祥太朗 東大・水実

14:25-14:50 **S02-04： Paralogous genomics of the invasive red swamp crayfish adapted to cold environments**
低温環境に適応した侵略種アメリカザリガニのパラロガスゲノミクス
佐藤大気[1]，松田優樹[2]，西川潮[3]，舟山亮[2]，中山啓子[2]，○牧野能士[2]
[1]千葉大，[2]東北大，[3]金沢大

14:50-15:00 総合討論

S03 : Integrative Bioarchaeology: perspective from evolutionary biology
統合生物考古学～生物進化の視点から

オーガナイザー： 長田直樹（北海道大），太田博樹（東京大）
8 月 31 日（木）13:00-15:00： D 会場
使用言語：日本語

生物学と考古学や周辺領域の諸分野を融合し，さまざまな視点から日本列島における人類の歴史およびそれに伴う環境の変遷を明らかにすることを目的とした学術変革領域研究,「統合生物考古学」が令和 5 年度よりスタートした．本シンポジウムでは，人類，動物，植物の日本列島における，比較的短い期間での進化に焦点を絞り，それぞれの演者が発表を行う．これまで得られた知見を共有し，進化学の視点から幅広い議論を発展させたい．
協賛：学術変革領域研究（A）：日本列島域における先史人類史の統合生物考古学的研究-令和の考古学改新-

13:00-13:20 **S03-01： The proposition of integrative bioarchaeology in the Japanese archipelago**
日本列島域における統合生物考古学の提唱
○山田康弘 都立大・院人文科学

13:20-13:45 **S03-02： Integrative bioarchaeology for understanding the diversity in the Ryukyu Archipelago**
琉球列島の多様性の理解を目指した統合生物考古学
○松波雅俊 琉球大・院医

13:45-14:10 **S03-03： Evolution of commensal rodents after the range expansion associated with human migration**
人類の移動に伴う小型げっ歯類の拡散と進化
○長田直樹 北海道大

14:10-14:35 **S03-04： Does the increase in seed size during the Jomon period provide evidence of domestication?**
縄文時代の種子大型化はドメスティケーションの証拠になるのか？
○那須浩郎 岡山理大・基盤教育

14:35-15:00 **S03-05： Azuki bean is a Japanese bean**
アズキは日本のマメである
○内藤健 農研機構・資源研

S04： Evolutionary biology driven by nematode diversity
線虫の多様性で切り開く進化研究の未来

オーガナイザー： 吉田恒太（国立遺伝研）
8 月 31 日（木）13:00-15:00： E 会場
使用言語：日本語

一部の線虫（*C. elegans*）は万能な実験動物として有名であるのに対し，地球上に 100 万種いるとも言われている線虫の多様性はなかなか知られていない．線虫はあらゆるマイクロでニッチな環境に適応し，寄生性から菌食性，細菌食性，線虫を捕食する線虫など多様な生存戦略をもっている．その実験的利便性と種の多様性から進化・多様性の研究で高いポテンシャルをもっているのは間違いない．本シンポジウムでは普段，進化学会にはいらっしゃらない非モデルの線虫を扱っている先生方をお招きし，多様な線虫研究で展開される二ッチな生物学を理解し，線虫の多様性研究で可能になる進化研究の未来について議論したい．

13:00-13:20 **S04-01： Nematodes as a model for biodiversity: speciation genetics in Pristionchus nematodes**
多様性研究のための線虫 - プリスティオンクス属の種分化遺伝学を例に
○吉田恒太 遺伝研・生態遺伝

13:22-13:42 **S04-02： Molecular mechanisms of evolution of feeding habit of the predatory nematode Pristionchus pacificus**
○井下結葵，千原崇裕，奥村美紗子 広島大・院統合生命科学

13:44-14:09 **S04-03： Bursaphelenchus okinawaensis: a genetically tractable system for the study of evo-devo and plant-parasitic nematodes**
繁殖・食生・分散様式はどう進化するか？「沖縄」生まれの新規モデル線虫 Bursaphelnehcus okinawaensis
○新屋良治 明治大・農

14:11-14:31 **S04-04： Chromosome dynamics at the sex determination in the parasitic nematode Strongyloides ratti**
寄生性線虫 Strongyloides ratti の性決定における染色体挙動
○鴻巣明日香 [1,2], Simo Sun[2], 吉田朱美 [3], 丸山治彦 [1], Vicky Hunt[4], 杉本亜砂子 [5], 菊地泰生 [2]
[1] 宮崎大・医・寄生虫，[2] 東大・院・先端生命，[3] 宮崎大・フロンティア・ゲノム解析，[4]Dep. Biol. Biochem., Bath Univ.，[5] 東北大・院・生命科学

14:33-14:58 **S04-05： What can we learn from the comparative analysis of the model nematode Caenorhabditis elegans and its sister species Caenorhabditis inopinata ?**
モデル線虫 Caenorhabditis elegans とその姉妹種 Caenorhabditis inopinata との比較解析から何がわかるか
○杉本亜砂子 東北大・院生命

S05： Evolution of Plant Diversity
植物の多様性を生み出す進化

オーガナイザー： 白井一正（九州工業大），花田耕介（九州工業大）
8 月 31 日（木）13:00-15:00： F 会場
使用言語：日本語

植物は地球上の様々な環境への適応進化を遂げてきた．また，人為選択により人間にとって有益な機能を備えた作物種が多様な進化を遂げている．現在，次世代シーケンスをはじめとした様々な技術の進歩によって，多様な情報が容易に得られるようになった．これにより，表現形質の多様性を生み出す新たなメカニズムが次々に明らかにされつつある．本シンポジウムでは，植物の進化研究を推進する研究者が，植物の表現形質の多様性を生み出す新たな進化メカニズムをどのようなデータを使い，どのような手法で見出してきたかを紹介していただく．<

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-13:25 **S05-01： Comprehensive study of regulation of transcription start site in response to environmental changes in plant.**
環境変化に応じた植物の転写開始点制御の網羅的解明
○白井一正[1]，岡義人[2]，木村泉美[2]，塙満愉[3]，豊田隆藏[2]，岩瀬哲[4]，杉本慶子[4]，宮田和輝[5]，榊原均[5]，肥後あすか[6]，打田直行[6]，梅澤泰史[7]，野元美佳[6]，多田安臣[6]，保浦徳昇[8]，芦苅基行[8]，大久保祐里[9]，松林嘉克[9]，高橋宏二[9]，木下俊則[9]，児玉豊[10]，松下智直[2]，花田耕介[1]
[1]九工大・情報工，[2]京大・院理，[3]宇都宮大・農，[4]理研・CSRS，[5]名大・院生命農，[6]名大・遺伝子，[7]農工大・院・BASE，[8]名大・生物センター，[9]名大・院理，[10]宇都宮大・バイオセンター

13:25-13:50 **S05-02： LHT1/MAC7 contributes to proper alternative splicing under long-term heat stress and mediates variation in the heat tolerance of Arabidopsis**
○太治輝昭 東京農大・バイオ

13:50-14:10 **S05-03： Altitudinal adaptive divergence of low temperature tolerance in Arabidopsis halleri**
○吉田直史[1]，森長真一[2]，白井一正[3]，花田耕介[3]，彦坂幸毅[4]
[1]京大・生態，[2]帝京科学大・自然環境，[3]九工大・情報，[4]東北大・生命

14:10-14:30 **S05-04： Phenome analysis focusing on small open reading frames found an Arabidopsis-specific emerged de novo gene enhancing drought tolerance**
フェノーム解析に基づいた de novo 遺伝子の探索
○武田智之[1]，中南健太郎[2]，金有王[1]，白井一正[1]，樋口(竹内)美恵子[2]，清水みなみ[2]，近藤隆之[1]，岡本正憲[2]，仁志蘭子[2]，関原明[2]，篠崎一雄[2]，松井南[2]，花田耕介[1]
[1]九州工業大・情報工，[2]理化学研究所 CSRS

14:30-14:55 **S05-05： Independent gene selection for awnless phenotype during rice domestication in Asia and Africa**
アジアとアフリカにおけるイネ芒消失に関わる遺伝子選抜
○別所-上原奏子 東北大・生命科学

14:55-15:00 総合討論

S06： We deliver our best research talks with little ones in the venue
進化学者が子を抱えてガッツリ研究発表する．果たして無事終えることができるのか？！

オーガナイザー： 松前ひろみ（東海大）
9 月 1 日（金）13:00-15:00： A 会場
使用言語：日本語

サイエンスに妥協はないけれど，家族との時間だってそれは同じ．いつかは子ども同伴で研究発表に登壇する日がやってくるのかも．子どもがぐずったらどうしよう？それならいっそ，一度試してしまおう！これは，表現型進化の分子基盤を追求する若手研究者たちがたまたま育児真っ最中だったことから自然発生した挑戦企画である．発表内容はサイエンスに全振り．ただし会場には子どもたち．果たして，無限の可能性を秘めた子どもたちを前にきちんと発表を終えることができるのか！？この状況下で聴衆に不足なく研究の魅力を伝えられたとき，ちょっとだけ新しい学会の姿が垣間見えるかもしれない．子連れ参加歓迎！会場での子どもの泣き声や笑い声も大歓迎です！

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-13:30 **S06-01 : Molecular genetic mechanisms underlying convergent evolution of reproductive seasonality in sticklebacks**
季節繁殖を制御する多機能性遺伝子とその収斂進化
○石川麻乃 東京大

13:30-13:55 **S06-02 : Deciphering the genetic basis of macroevolutionary traits in the light of convergent evolution**
収斂進化で読み解くマクロ進化形質の遺伝基盤
○福島健児 ヴュルツブルク大

13:55-14:20 **S06-03 : Species comparison of whole-brain single-cell transcriptomes to explore the molecular mechanisms of behavioral evolution**
行動進化の分子基盤を探るための全脳シングルセルトランスクリプトームの種間比較
○石川由希[1]，中村有紀子[1]，大橋拓朗[1]，山腰春奈[1]，重信秀治[2]，上川内あづさ[1]
[1]名古屋大・院理，[2]基礎生物学研究所

14:20-14:45 **S06-04 : Seek of a new luminous animal possessing kleptoprotein**
盗タンパク質をもつ発光生物の探索
○別所上原学 名古屋大・高等研究院（理）

14:45-15:00 総合討論

S07： Shedding the Light of Evolution on the Diversified Cell Deaths in Animals
動物の多様な細胞死に進化の光を照らす

オーガナイザー： 原雄一郎（東京都医学研）
9 月 1 日（金）13:00-15:00： C 会場
使用言語：日本語

動物での制御性細胞死はアポトーシスが担うという認識は，近年の多様な制御性細胞死の発見により大きく変容した．動物は進化を経て様々な制御性細胞死を獲得したと考えられるが，それらの研究は主にモデル生物で進められており，細胞死が多様化した過程を理解するための体系的な知識を得るには至っていない．本シンポジウムでは，様々な動物で様々な細胞死を解明する研究者が集まり，制御性細胞死が担う生命現象を動物全体から見渡し，多様な細胞死を得た進化学的背景を理解するためのアプローチを議論する．

13:00-13:05 はじめに

13:05-13:27 **S07-01： Erebosis, a new cell death mechanism during homeostatic turnover of gut enterocytes**
○Sa Kan Yoo RIKEN

13:27-13:49 **S07-02： Evolutional aspects of inflammasomes to induce pyroptosis in teleosts**
硬骨魚類におけるパイロプトーシスを誘導するインフラマソームの進化的側面
○引間順一 宮崎大・農

13:49-14:11 **S07-03： Increased Environmental Oxygen Availability in Amphibians Allows for the Emergence of Interdigital Cell Death**
環境酸素がもたらす「指間細胞死」誕生の可能性
○小野沙桃実[1]，Ingrid Rosenburg Cordeiro[1]， 岸田治[2]，越智陽城[3]，田中幹子[1]
[1] 東京工業大・生命理工 [2] 北海道大・FSC [3] 山形大・医

14:11-14:33 **S07-04： Unique regulation of cell death in long-lived cancer-resistant rodents.**
長寿・がん耐性齧歯類におけるユニークな細胞死制御
○岡香織 熊本大・院生命

14:33-14:55 **S07-05： Evolutionary origin and conservation of the core molecular machinery for necroptosis**
ネクロプトーシスの進化的起源と保存性について
○森脇健太 東邦大・医・生化学

14:55-15:00 総合討論

S08： Evolutionary analysis software in the era of large-scale data
大規模データ時代の進化解析ソフトウェアを展望する

オーガナイザー： 岩崎渉（東京大），田村浩一郎（東京都立大）
9 月 1 日（金）13:00-15:00： D 会場
使用言語：日本語

進化解析ソフトウェアは，相同遺伝子の検出・配列アラインメント・分子系統樹推定・分岐時間推定など，進化学研究の基盤となってきた．しかし，配列データの急速な大規模化は，そうした状況を根本的に変えつつある．
いま，どのような進化解析ソフトウェアが必要なのだろうか？何か根本的に，新しい発想が必要なのだろうか？国際的にどのように取り組むべきなのだろうか？
進化解析ソフトウェア開発者の講演に加えて，大会参加者を交えたディスカッションの時間を長めにとり，展望する

13:00-13:18 **S08-01： Database and software for evolutionary analysis in the era of large-scale data**
大規模データ時代の進化解析データベース・ソフトウェア
○岩崎渉 東大・院新領域

13:18-13:36 **S08-02： Annotation of VDJ genes in TCR loci on eutherian genome**
○加藤和貴, Zhou Hao, Daron M. Standley 阪大・微研

13:36-13:54 **S08-03： Decision-making in molecular phylogenetics: how can unwritten tips be disseminated?**
教科書に書かれていない分子系統樹推定の手順を柔らかくガイドするには？
○工樂樹洋 国立遺伝研

13:54-14:12 **S08-04： Development of phylogenetic analysis pipelines for continuously growing big data**
大規模かつ日々増加するデータを利用する系統解析ワークフローの開発
○ニッタ ジョエル，岩崎渉
[1] 千葉大・院国際，[2] 東大・院新領域

14:12-14:30 **S08-05： History of MEGA development and its limitations, and future perspective**
MEGA 開発の歴史と限界，そして将来の展望
○田村浩一郎 都立大・院理

14:30-15:00 総合討論

S09： Morphological evolutions that give rise to the novelties
新機軸を生む形態進化をどう理解するか

オーガナイザー： 東山大毅（東京大）
9 月 1 日（金）13:00-15:00： E 会場
使用言語：日本語

進化的新機軸の起源を理解するにあたって，我々は様々な手法を用いて比較をおこなってきた．しかし，それはしばしば類型的な議論に陥っていないだろうか．たとえば直感的に既知の動物門のどれとも認識できないモンスターのような動物に出会ったとき我々はどうやってその進化を理解したらいいだろう．本企画では新規な構造の進化，体軸というボディプランの根本に関わるような要素の変異，また逆に見かけ上の形質に変化を及ぼさない発生の進化だったり，”モンスター”とも呼ぶべき謎の化石の正体に挑んだり，様々な動物群を対象に異なる方向性で進化に挑む演者を集めてみた．改めて様々な現象に触れ，ここ沖縄の地にて形の進化について皆さんと一緒に色々と悩んでみたい．

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-13:25 **S09-01 : Mammalian-unique face established through the reconstitution of the topography of facial primordia**
顔面原基の組み替えで生じた，哺乳類の新規な顔
○東山大毅 東大・医

13:25-13:45 **S09-02 : The origin of insect wings: evolution of the pioneering developmental field for morphological diversification**
昆虫の翅進化から探る形態多様化の新機軸成立への道筋
○大出高弘 京大・院農

13:45-14:05 **S09-03 : Symmetry polymorphism in Cnidarian organ arrangements**
刺胞動物の器官配置に現れる対称性の多型
○Sarper Safiye E.[1], Nakanishi Tamami[1], Kitazawa Miho[2], Kuratani Shigeru[1], Fujimoto Koichi[3]
[1] 理研 BDR，[2] 大阪大・全学教育推進機構，[3] 広島大・院統合生命科学

14:05-14:25 **S09-04 : Developmental system drift of blastomere specification mechanism in spiralian development**
らせん卵割型発生の割球特異化機構に見られる発生システム浮動
○守野孔明[1]，佐藤啓輔[2]，和田洋[1]
[1] 筑波大・生命環境系 [2] 筑波大・院理工情報生命

14:25-14:45 **S09-05 : Towards Unveiling the Mysteries of Problematica with the Aid of 3D Data**
3D データで挑むプロブレマティカの謎
○三上智之[1]，池田貴史[2]，村宮悠介[3]，平沢達矢[4]，岩崎渉[4]
[1] 国立科学博物館・地学研究部，[2] 京都産業大学，[3] 深田地質研究所，[4] 東大・院理

14:45-15:00 総合討論

S10：　Let's look into the microfield
ミクロフィールドをのぞき込む

オーガナイザー：　菊池義智（産総研），下地博之（琉球大）
9 月 1 日（金）13:00-15:00：　F 会場
使用言語：日本語

レーウェンフックが人類で初めて微生物を発見して 350 年が経つ．しかし，我々は今なお「微生物はなぜ動くのか？」という単純な疑問に明確な答えを得ていない．本シンポジウムでは，最近発見されたバクテリアの「べん毛ドリル運動」を中心に，高感度顕微鏡技術による動きの計測，メカニクスや遺伝的基盤の推定，共生・病原性成立における動きの役割など多角的な視点に立つ最新研究を紹介し，微生物が棲むミクロフィールドの楽しさを共有する場としたい．
共催：学術変革領域 B「微生物が動く意味」

13:00-13:20 **S10-01：　Microbial motility determines symbiosis**
共生を決める微生物のうごき
○菊池義智　　産総研・生物プロセス

13:20-13:40 **S10-02：　Behavioral exhibition of bacteria**
細菌の行動展示
○中根大介　　電通大・院情報理工

13:40-14:00 **S10-03：　Look into the photo-response of Volvox**
ボルボックスの光応答をのぞき込む
○村山能宏　　農工大・院工

14:00-14:30 **S10-04：　Swimming Motility Mechanism of Helical Bacteria Revealed by Reconstruction in a Minimal Bacterium**
ミニマル細菌における再構築により明らかにするらせん細菌の遊泳運動メカニズム
○木山花[1]，柿澤茂行[2]，高橋大地[1]，宮田真人[1]，[3]
[1] 大阪公大・院理，[2] 産総研・生物プロセス，[3] 大阪公大・複合先端

14:30-15:00 **S10-05：　Evolution of a flange in the Campylobacterota flagellar motor**
○Eli J. Cohen　　Imperial College London, Department of Life Sciences

S11： Predictability of evolution – from multi-scale perspectives
進化の予測はどこまで可能なのか？マルチスケール進化解析からせまる

オーガナイザー： 斉藤京太（千葉大，理研），今野直輝（東京大）
9 月 1 日（金）15:10-17:10： C 会場
使用言語：日本語

地球上の生物は，形態や代謝機能をはじめとして実に多様な表現型をとっている．これほど多様な生物がこれまでどのように進化してきて，これからどのように進化するのかを予測することは進化生物学における大きな課題のひとつである．この課題を解決するには，進化の法則性を読み解き，進化動態を予測することが重要である．本シンポジウムではさまざまな生物の多様な時間スケールの進化の法則性を探求している 5 名の研究者が登壇し，研究対象ごとの適したアプローチ（フィールドサンプリング，比較ゲノム解析，進化実験など）や今後の研究分野の展開を議論する．

15:10-15:20 企画概要・イントロダクション

15:20-15:40 **S11-01： The Paradox of Predictability**
大進化予測のパラドックス
○坪井助仁 ルンド大・理

15:40-16:00 **S11-02： Similarity of the patterns of phenotypic variations among different biological scale and the prediction of micro and macroevolution**
異なるレベルでみられる表現型変異パターンの類似性と進化の方向性の予測
○斉藤京太[1・2]，坪井助仁[3]，高橋佑磨[4]
[1] 千葉大・院・融，[2] 理研・多階層生命動態研究チーム，[3] ルンド大・理，[4] 千葉大・院・理

16:00-16:20 **S11-03： Measuring the Evolvability of Developmental Systems in Vertebrates**
脊椎動物発生システムの進化しやすさ・しにくさを測る
○内田唯[1]，重信秀治[2]，武田洋幸[3]，古澤力[1,4]，入江直樹[5]
[1] 理研 BDR，[2] 基生研，[3] 京都産業大，[4] 東大・院理，[5] 総研大

16:20-16:40 **S11-04： Predicting gene gain/loss evolution based on repeating long-term evolution**
長期進化の繰り返しパターンから未来の遺伝子獲得・欠失進化を予測する
○今野直輝[1]，岩崎渉[1,2]
[1] 東大・院理，[2] 東大・院新領域

16:40-17:00 **S11-05： Experimental evolution of primitive life-like systems: for understanding the origins of life**
原始生命モデルの実験進化で観測不能な生命の起源に迫る
○水内良 早稲田大・理工，JST・創発

17:00-17:10 総合討論

S12： Symposium to memorize late Dr. Masatoshi Nei
根井正利先生追悼シンポジウム

オーガナイザー： 斎藤成也（国立遺伝研）
9 月 1 日（金）15:10-17:10： D 会場
使用言語：日本語

今年 5 月に亡くなられた根井正利博士を追悼するシンポジウムを開催する.

15:10-15:20 **S12-01： Remembering Dr. Masatoshi Nei**
根井正利先生を偲ぶ
○斎藤成也 国立遺伝学研究所

15:20-15:30 **S12-02： Genetic distance and human evolution**
遺伝距離と人類進化
○高畑尚之 総合研究大学院大

15:30-15:40 **S12-03： Genetics and Genomics of Orphan Crops and their perspectives**
孤児作物のゲノム遺伝学およびその展望
○大田竜也[1]，Fawcett Jeffrey A.[2]，竹島亮馬[3]，菊池真司[4]，大迫敬義[5]，白澤健太[6]，法月美悠[4]，松井勝弘[3]，矢崎裕規[7]，小木曽映里[8]，藤井健一郎[3]，原尚資[9]，Jones Martin K.[10]，平川英樹[6]，Li Cheng-Yun[11]，安井康夫[12]
[1] 総研大・統合進化科学研究センター，[2] 理研・数理創造プログラム，[3] 農研機構・作物研究部門，[4] 千葉大・院園芸学，[5] 京都府大・院生命環境，[6] かずさ DNA 研究所，[7] 農研機構・高度分析研究センター，[8] 科博・分子生物多様性研究資料センター，[9] 農研機構・北海道農研，[10] ケンブリッジ大，[11] 雲南農業大，[12] 京大・院農

15:40-15:50 **S12-04： Estimation of evolutionary distances and molecular clock**
進化距離の推定と分子時計
○田村浩一郎 都立大・院理

15:50-16:00 **S12-05： Effect of different types of sequence data on palaeognath phylogeny**
○竹崎直子 香川大・医

16:00-16:10 **S12-06： Classification of caliciviruses**
カリシウイルスの分類
○鈴木善幸 名古屋市立大・院理

16:10-16:20 **S12-07： Birth-and-death evolution and olfactory receptor genes**
birth-and-death evolution と嗅覚受容体遺伝子
○新村芳人 宮崎大・農

16:20-16:30 **S12-08： Revisiting Dr. Nei's thought on Y chromosome evolution and future directions on the study of sex chromosome evolution**
Y 染色体進化に関する根井先生の考えと今後の性染色体進化研究
○野澤昌文 都立大・院理，都立大・生命情報研究センター

16:30-16:40 **S12-09： Reconstructing phylogenetic tree reconstruction methods**
系統樹再構築法を再構築する
○三澤計治 横浜市大・医，理研

16:40-17:10 総合討論

S13： Unveiling Evolution and Ecology of Wild Organisms through Genomic Information
ゲノム情報から明らかにする野外生物の進化生態

オーガナイザー： 御代川涼（九州大），中谷優介（九州大）
9 月 1 日（金）15:10-17:10： E 会場
使用言語：日本語

これまで野外生物の適応進化に関してはモデルや形態ベースでの研究が進められてきた．
近年，NGS 技術の普及により，野外集団のゲノム情報へのアクセスが容易になり，ゲノムワイドな遺伝的多様性や適応形質を生み出す分子メカニズムの解明が可能になった．本シンポジウムでは，動植物や共生細菌を含む野外生物のゲノム情報を活用して進化生態学的な研究に取り組む若手研究者に最新の知見を共有していただき，フィールドからゲノム情報をつなぐ研究デザインや手法を含めて議論したい．

15:10-15:35 **S13-01： Intraspecific flowering time variation and adaptive evolution in Japanese Lotus japonicus**
日本におけるミヤコグサの開花時期多型と適応進化
○若林智美 奈良先端大・バイオ

15:35-16:00 **S13-02： Comparative analysis of the gut microbiome and faecal condition of Nara sika deer before and after the COVID-19 pandemic.**
奈良のシカを対象にした COVID-19感染拡大前後の腸内マイクロバイオームおよび糞性状の比較解析
○明石涼 北大・院生命

16:00-16:25 **S13-03： The relationship between the phylogeny in the family Lucanidae and the larval evolution of food and habitat**
クワガタムシ科における系統と幼虫の食性進化の関係
○三島達也 九大院・比文

16:25-16:50 **S13-04： The Genetic Basis of Structural Color Variations Explored in the Komatsugaoka Population of *Phelotrupes auratus***
オオセンチコガネの小松ヶ丘集団から探る構造色の遺伝的基盤
○中谷優介 九州大・院システム生命科学

16:50-17:10 総合討論

S14： Artificial protein evolution -From ancestor resurrection to de novo protein design-
タンパク質の人工進化：古代タンパク質復活から de novo タンパク質デザインまで

オーガナイザー： Shunsuke Tagami（RIKEN）
9 月 1 日（金）15:10-17:10： F 会場
使用言語：英語

It has long been a dream of evolutionary biologists to resurrect ancient organisms or to engender new ones through artificial evolution. While full reconstruction of organisms remains challenging, recent advancements in protein science enabled the engineering of ancestral proteins and entirely new proteins. This symposium aims to introduce such a groundbreaking realm of manipulative evolutionary research.

太古の生物を復活させたり新しい生物を人工的に進化させたりすることは進化学の長年の夢である．しかし，一般的な進化研究が対象とする個体レベルで生物を完全に作り変えることは困難である．だが，タンパク質レベルの研究では古代タンパク質進化のミッシング・リンクやこれまで生物界に存在しなかった全く新しいタンパク質を人為的に作成することが可能になっている．本シンポジウムでは，そのような自由に操作する進化研究を多くの進化生物学者に紹介したい．

15:10-15:13 Introduction

15:13-15:36 **S14-01： Experimental reconstruction of the evolutionary pathway between ancient beta-barrel proteins**
○八木創太 早大・人科

15:36-15:59 **S14-02： Reconstruction of catalytically active ancestral protein variants using a reduced set of amino acids**
○赤沼哲史 早大・人科

15:59-16:22 **S14-03： Indels: The Evolutionary Switches Bridging Protein Functions and Topologies**
○Paola Laurino Okinawa Inst. of Sci. & Tech. Graduate Univ.

16:22-16:45 **S14-04： De novo design of new protein folds and heterooligomeric proteins by intuitive and simple methods**
直感的でシンプルな設計手法による新規タンパク質フォールドとヘテロオリゴマータンパク質の de novo デザイン
○Naoya Kobayashi NAIST・Mater. Sci.

16:45-17:08 **S14-05： Green underwater world: the coevolution of light-harvesting system of cyanobacteria and underwater light environment**
緑の窓の仮説：シアノバクテリアの集光システムと水中の光環境の共進化
○伊藤久美子[1,2]，松尾太郎[1,2]，星野洋輔[3]，菅野里美[2]，藤井悠里[4]，辻梨緒[1]，藤本和宏[5]，宮下英明[4]
[1] 名古屋大・院理，[2] 名古屋大・高等研究院，[3]GFZ German Research Centre for Geosciences，[4] 京都大・院人間・環境学，[5] 名古屋大・ITbM

17:08-17:10 Summary

■一般口頭発表

8 月 31 日（木）15:10-17:10：　B 会場
座長：　寺井洋平，安藤俊哉

15:10　**O1B-01：　Evolution of the ant stinger**
○A. Casadei-Ferreira, E.P. Economo
沖縄科学技術大学院大（OIST）

15:25　**O1B-02：　antscan - a comprehensive open access database for 3D ant anatomy**
antscan - アリ解剖学のための包括的なオープンアクセスデータベース
○Julian Katzke[1], Francisco Hita Garcia[1,2], Fumika Azuma[1], Philipp D. Lösel[3,4], Tomáš Faragó[5], Thomas van de Kamp[5], Evan P. Economo[1]
[1]OIST, [2]Museum für Naturkunde Berlin, [3]Heidelberg University, [4]Australian National University, [5]Karlsruhe Institute of Technology

15:40　**O1B-03：　Revisiting the Goldschmidt's systemic mutation model: discussions based on the experimental restoration of inversion-driven color pattern evolution in the harlequin ladybug**
Goldshchmidt の Systemic mutation model 再考：ナミテントウの逆位が引き起こす表現型進化の復元実験に基づく考察
○安藤俊哉[1,2]，松岡佑児[2]
[1] 京都大・白眉センター，[2] 自然科学研究機構・基生研

15:55　**O1B-04：　How did the muscles evolve in metazoan: A conserved T-box transcription factor-mediating muscle differentiation in Ctenophora.**
動物の筋肉は進化上どのように生じたのか：クシクラゲ T-box 転写因子による筋分化制御にみられる保存性
○毛利蔵人，三宅みなと，渡邉寛
沖縄科学技術大学院大・進化神経生物学ユニット

16:10　**O1B-05：　Evolution and change of the human dentition**
ヒト歯列の進化と変化
○松島正和
神田歯科医院，日本歯科大学生命歯学部保存学講座

16:25　**O1B-06：　Molecular phylogenetic and genetic structure analysis of Ensifera cricket species**
コオロギ種群の分子系統および遺伝構造解析
○里村和浩[1]，小倉淳[1]
[1] 長浜バイオ・バイオサイエンス

16:40　**O1B-07：　Genetic diversity of wild emmer wheat in natural populations in southern Turkey and attempts to conserve it through the development of quasi-natural populations**
トルコ南部の野生エンマーコムギの自然集団における遺伝的多様性と疑似自然集団の作成による保全の試み
○Naoki Mori[1], Takako Shizuka[1], Shotaro Takenaka[2], Kenichi Tanno[3], Hakan Ozkan[4] , Shoji Ohta[5]
[1]Grad. Sch. Agric. Sci., Kobe Univ., [2]Fac. Agric., Ryukoku Univ., [3]Fac. Litl., Ryukoku Univ., [4]Fac. Agric., Univ. Cukurova, Turkey, [5]Prof. emeritus, Fukui Pref. Univ.

16:55　**O1B-08：　Ancient genome analyses of dogs from the Epi-Jomon and the Okhotsk periods in the Japan archipelago**
北海道における続縄文時代とオホーツク文化期のイヌの古代ゲノム解析
○寺井洋平[1]，本郷一美[1]，加藤博文[2]，佐藤孝雄[3]
[1] 総合研究大学院大・統合進化科学研究センター，[2] 北海道大・アイヌ・先住民研究センター，[3] 慶應義塾大・文学部

8 月 31 日（木）15:10-17:10：　C 会場
座長：　岡田泰和，三澤計治

15:10 **O1C-01：　Differences in degree of specificity and selectivity among the three symbiotic partners of the lichen *Cladonia vulcani* Savicz.**
地衣類イオウゴケにおける三者共生系パートナーの普遍性と可変性
○河野美恵子[1]，田辺秀之[1]，寺井洋平[1]
[1] 総研大・統合進化科学研究センター

15:25 **O1C-02：　Development of a fast dimension reduction method**
高速な次元削減法の開発
○三澤計治[1,2]
[1] 横浜市大・医，[2] 理研

15:40 **O1C-03：　Expression and functional analysis of vertebrate *myosin heavy chain* genes involved in terrestrial adaptation**
脊椎動物の陸上進出に関わるミオシン重鎖遺伝子の発現・機能解析
○田村啓[1,2]，加藤優斗[1]，宮坂拓実[1]，金子大輝[2]，福井彰雅[3]，伊藤道彦[1,2]
[1] 北里大学・院理，[2] 北里大学・理・分子生物，[3] 中央大学・理工

15:55 **O1C-04：　Adaptive evolution of the APOBEC3 regulatory region indicates ancient viral epidemics during the Out-of-Africa migration**
○藤戸尚子[1]，Revathi Devi Sundaramoorthy[1]，颯田葉子[2]，井ノ上逸朗[1]
[1] 遺伝研・人類遺伝，[2] 総研大・統合進化科学研究センター

16:10 **O1C-05：　Caste-biased gene expression and pattern of sequence evolution in termite**
シロアリにおけるカースト特異的な発現遺伝子の分子進化
○矢口甫，小山雄太郎，北條賢，前川清人
[1] 森林総研・森林昆虫，[2] 関西学院大，[3] 富山大

16:25 **O1C-06：　Kinship theory of intragenomic conflict in social insect: a test in single mating ants**
ゲノムインプリンティングの父母ゲノム対立：トゲオオハリアリでの予測と検証
若宮健[1]，土畑重人[2]，○岡田泰和[1]
[1] 都立大・理，[2] 東京大・総合文化

16:40 **O1C-07：　Investigating the essence of long-branch attraction using the Farris phylogenetic tree.**
Farris 系統樹を用いて長枝誘引の本質を探る
○堀池徳祐[1,2]，仲田昇平[2]
[1] 静岡大・農，[2] 静岡大・院総合

16:55 **O1C-08：　Investigating the essence of long-branch attraction using multiple alignment data.**
マルチプルアラインメントデータを用いて長枝誘引の本質を探る
○仲田昇平[1]，堀池徳祐[1,2]
[1] 静岡大・院総合，[2] 静岡大・農

8 月 31 日（木）15:10-17:25：　D 会場（若手発表賞対象）
座長：　佐藤大気，田中良弥

15:10 **O1D-01Y：　Identification of salt-tolerant candidate genes related to Na and K dynamics in Vigna luteola**
Vigna luteola の Na, K 動態に関与する耐塩性遺伝子候補の同定
○壹岐友里恵[1], Wang Fanmiao[2], 伊藤広輔[1], 野田祐作[2], 若竹崇雅[3], 田野井慶太朗[4], 内藤健[2]
[1] 東大・院新領域，[2] 農研機構・遺伝資源研究センター，[3] 奈良先端大・先端科学技術，[4] 東大・院農学生命

15:25 **O1D-02Y：　Individual termite movements reflect nest complexity evolution**
巣構造（自己組織化）の違いにともなうシロアリの行動パターンの進化に迫る
○菊池顕生，水元惟暁
沖縄科学技術大学院大

15:40 **O1D-03Y：　Do host races show assortative mating when their host plants are extremely coexisted?**
○Shoko TAKANO [1], Issei OHSHIMA [1,2,3]
[1]Department of Life and Environmental Sciences, Kyoto Pref. Univ., [2]Center for Frontier Natural History, Kyoto Pref. Univ., [3]Kyoto Botanical Garden

15:55 **O1D-04Y：　Insights into the evolutionary origins of neurons: Lessons from ctenophore neurogenesis**
クシクラゲの「神経化」遺伝子の機能解析で迫る神経細胞の進化的起源
○三宅みなと，堀口理，渡邉寛
OIST

16:10 **O1D-05Y：　The effect of transposable elements on gene expression levels in *Caenorhabditis inopinata*, whose characteristics differ greatly from those of the sibling species *Caenorhabditis elegans*.**
○河原数馬[1]，稲田垂穂[1]，Mehmet Dayi[2]，菊地泰生[3]，河田雅圭[1]，杉本亜砂子[1]
[1] 東北大・院・生命，[2]Forestry vocational school, Duzce University, Türkiye，[3] 東京大・院・新領域

16:25 **O1D-06Y：　Comparative Analysis of Hypertrophic Lips in East African Cichlid**
○待井長敏[1]，畑島諒[1]，相原光人[1]，長澤竜樹[1]，二階堂雅人[1]
[1] 東京工業大・生命理工

16:40 **O1D-07Y：　Co-option of the ancestral cis-regulatory sequences underlying the gain of new wing pigmentation pattern in Drosophila guttifera**
祖先的な cis 制御配列の転用によるミズタマショウジョウバエの翅の新たな模様の獲得
○Takumi Karasawa[1], Namiho Saito[2], Shigeyuki Koshikawa[1,3]
[1]Grad. Sch. Env.Science, Hokkaido Univ., [2]Sch. Sci., Hokkaido Univ., [3]Fac. Env. Earth Sci., Hokkaido Univ.

16:55 **O1D-08Y：　What shapes acoustic diversity in laryngeal echolocation of bats?**
○野尻太郎[1]，武智正樹[1]，Nicolas Brualla[2]，福井 大[3]，Vuong Tan Tu[4]，目黒 史也[5]，小薮大輔[2,5]
[1] 順天堂大・院医，[2]City University of Hong Kong，[3] 東京大・院農，[4] ベトナム科学技術アカデミー，[5] 筑波大 PMC

17:10 **O1D-09Y：　Analysis of gene expression patterns in the groove meristem involved in new organ formation in the one-leaf plant *Monophyllaea***
一葉植物モノフィレアの新規器官形成に関与する溝分裂組織の特異な遺伝子発現パターン
○Shunji Nakamura, Ayaka Kinoshita, Hiroyuki Koga, Hirokazu Tsukaya
Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo

8 月 31 日（木）15:10-17:10：　E 会場
座長：　中川草，菅裕

15:10 **O1E-01：　Evolution of urushi, Japanese lacquer tree**
ゲノムとトランスクリプトームから探るウルシの進化
○菅裕[1]，石崎陽子[2]，渡辺敦史[3]，田村美帆[3]，村上愛[1]，加茂優美[1]，椎名隆[2]
[1] 県立広島大，[2] 摂南大，[3] 九州大・院農

15:25 **O1E-02：　Kings' aging influences offspring's caste fate through epigenetic inheritance in termites**
シロアリにおけるエピジェネティック遺伝を介した王の年齢依存的な子のカースト運命への影響
○高橋迪彦[1]，高田守[1]，石橋朋樹[2]，田﨑英祐[3]，Olav Rueppell[4]，Edward L. Vargo[5]，松浦健一[1]
[1] 京都大・院農，[2] 理研，[3] 新潟大・自然科学，[4] アルバータ大，[5] テキサス A&M 大

15:40 **O1E-03：　Unicellular Notch signaling - What is the role of contact sensor before multicellularity?**
単細胞生物の Notch シグナリング ：接触感知センサーの単細胞における機能とは？
○田中颯真[1]，青野克俊[1]，山原直樹[1]，三宅晃輝[1]，黒木義人[2]，阿形清和[2]，菅裕[1]
[1] 県立広島大，[2] 基礎生物学研究所

15:55 **O1E-04：　Genetic Differentiation and Demographic Trajectory of the Insular Formosan and Orii's Flying Foxes**
Kung-Ping Lin[1], Shu-Miaw Chaw[2],Yun-Hwa Lo[1], Teruo Kinjo[3], Chien-Yi Tung[1], Hsi-Chi Cheng[4], Quintin Liu[5],Yoko Satta[5], Masako Izawa[6], Shiang-Fan Chen[7], and ○Wen-Ya Ko[1]
[1]National Yang Ming Chiao Tung University (NYCU), Taiwan, [2]Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taiwan, [3]Okinawa Zoo and Museum, [4]Endemic Species Research Institute, Taiwan, [5]SOKENDAI, [6]Kitakyushu Museum of Natural History and Human History, [7]Center for General Education, National Taipei University

16:10 **O1E-05：　Analysis of keratin gene cluster in *Pleurodeles waltl***
イベリアトゲイモリケラチン遺伝子クラスターの解析
○福井彰雅[1]，鈴木賢一[2]，松波雅俊[3]
[1] 中央大・理工，[2] 基生研，　[3] 琉球大・医

16:25 **O1E-06：　Dynamic Evolution of Retroviral Envelope Genes in Egg-Laying Mammalian Genomes**
単孔類ゲノムに内在化するレトロウイルス膜タンパク質の多様な進化
北尾晃一[1,2]，庄司日和[1]，宮沢孝幸[1]，○中川草[3]
[1] 京大・医生研，[2] 名大・院農，[3] 東海大・医

16:40 **O1E-07：　An olfactory receptor gene expressed in the tongue of squamates**
有鱗類の舌で発現する嗅覚受容体遺伝子――タンフリック行動の分子基盤の解明に向けて
○岸田拓士[1]，八ツ本真司[2]，笹井隆秀[3]，伊原さよ子[2]，東原和成[2]
[1] 日本大・生物資源, [2] 東京大・院農, [3] 美ら島財団

16:55 **O1E-08：　Caste differences in dopamine levels in the brain during metamorphosis in two species of eusocial bees with different degrees of caste differentiation**
カースト分化の程度が異なる真社会性ハナバチ類2種における変態期の脳内ドーパミン量のカースト差
○小沼貴文，佐々木謙
玉川大・院農

8 月 31 日（木）15:10-17:25：　F 会場（若手発表賞対象）
座長：　荒川那海，藤本真悟

15:10 **O1F-01Y：　Of brains and flies: The origins and conservation of bilateral polymorphisms of asymmetric body, a left-right asymmetric structure in the Drosophila brain**
○Wong Wai Cheng[1], Sakamura So[1], Yoshida Tomoki[1], Tsujita Akari[1], Suyama Komomo[1], and Matsuno Kenji[1]
[1]Graduate School of Science, Osaka University

15:25 **O1F-02Y：　Alternative splicing of TRPA1 gene underlies the evolution of gustatory preference in a mustard-feeding drosophilid fly**
○鈴木啓[1]，齋藤茂[2,3]，齋藤くれあ[2], Julianne N. Pelaez[1,4], Srivarsha Rajshekar[1]，松永光幸[1,5], Diler Haji[1], Ashleigh S. Takemoto[1]，田中健太郎[6]，髙橋文[6], Gary Karpen[1]，富永真琴[2,7,8], Noah K. Whiteman[1]
[1]カリフォルニア大バークレー校，[2]生理研，[3]長浜バイオ大，[4]ブランダイス大，[5]東京大・新領域，[6]東京都立大・理，[7]生命創成探究センター，[8]総研大

15:40 **O1F-03Y：　Evolutionary dynamics of chemosensory receptor genes in Afrotheria**
○佐藤優海[1]，新村芳人[1]
[1]宮崎大・農

15:55 **O1F-04Y：　The genomic basis for trophic adaptation of East African egg-eating cichlids**
○今本南[1]，中村遥奈[2]，相原光人[1]，二階堂雅人[1]
[1]東工大，[2]総研大

16:10 **O1F-05Y：　Ancient viral discoveries from metagenomic data of ancient individuals**
古代人メタゲノムデータを用いた古代ウイルス探索
○西村瑠佳[1,2]，杉本竜太[3]，神澤秀明[4]，篠田謙一[4]，井ノ上逸朗[2]
[1]総研大・生命科学研究科・遺伝学専攻，[2]遺伝研・人類遺伝，[3]遺伝学普及会，[4]国立科学博物館

16:25 **O1F-06Y：　Comprehensive detection of molecular convergences for systematic profiling of convergent evolution**
○Tomoya Nishiguchi, Wataru Iwasaki
Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo

16:40 **O1F-07Y：　Ectopic expression of chemoreceptor genes in fish**
魚類における化学受容体遺伝子の異所性発現
○西浦賀乃子[1]，張子聡[2]，長澤竜樹[1]，二階堂雅人[1]
[1]東京工業大・生命理工，[2]京都大・ヒト生物学高等研究拠点

16:55 **O1F-08Y：　Evolutionary changes of non-coding elements associated with transition of sexual mode in the Caenorhabditis nematode**
○玉川克典[1], Mehmet Dayi[2]，孫思墨[2]，菊地泰生[2]，春田奈美[1]，杉本亜砂子[1]，牧野能士[1]
[1]東北大・院生命，[2]東京大・院新領域創生

17:10 **O1F-09Y：　Revisit of alternative splicing patterns modulated by RNA methyltransferase FIONA1 in *Arabidopsis thaliana***
シロイヌナズナにおける RNA メチル基転移酵素 FIONA1に調節される選択的スプライシングパターンの再検討
○Ryo Miyokawa, Eriko Sasaki
九大・院理

9月1日（金）9:30-11:30：　A会場
座長：　今西規，鈴木誉保

9:30　**O2A-01：　Macro-evolutionary pathway reveals combinatorial evolution with coupling and uncoupling of multiple traits in phenotypic multi-component systems**
マクロ進化パスウェイ：様々な形質の組み合わせ進化の数理技術開発と進化ダイナミクス
○鈴木誉保，岩崎渉
東大・新領域

9:45　**O2A-02：　Evolution of a novel labro-maxillary interlocking mechanism in ants (Hymenoptera: Formicidae) and its correlation with diet types**
○Adrian Richter, Roberto Keller, Evan Economo
Biodiversity and Biocomplexity Unit, OIST

10:00　**O2A-03：　Patterns of skeletomuscular evolution in ants**
○Lazzat Aibekova, Evan Economo
Biodiversity and Biocomplexity Unit, Okinawa Institute of Science and Technology

10:15　**O2A-04：　Evolutionarily conserved molecular features of the avian central serotonergic system**
鳥類の中枢セロトニンシステムの分子的特徴は進化的に保存されている
○藤田俊之，山口真二
帝京大・薬

10:30　**O2A-05：　Coevolution of exaggerated male and female genitalia by sex-concordant genes in Carabus (Ohomopterus) beetle**
オオオサムシ亜属における同じ遺伝子を介した雌雄交尾器の巨大共進化
○野村翔太[1]，曽田貞滋[2]，新美輝幸[1]
[1]基礎生物学研究所，[2]京大・院理

10:45　**O2A-06：　Heart evolution: the commonalities between molluscan oysters and vertebrates and myoelastic protein conectin.**
心臓進化：軟体動物カキと脊椎動物の共通性と筋弾性蛋白質コネクチン
○花島章，木元弥咲，大平桃子，臼居優，橋本謙，毛利聡
川崎医大・生理

11:00　**O2A-07：　Prediction of human facial morphology based on genomic polymorphisms**
ヒトの顔形状の遺伝率推定と顔形状予測ソフトウエアの開発
○今西規[1]，木村亮介[2]，瀧靖之[3]，竹内光[3]，中川草[1]，安藤寿康[4]
[1]東海大・医，[2]琉球大・医，[3]東北大・加齢研，[4]慶應大・文

11:15　**O2A-08：　Time course transcriptome analysis and histological observation of cuscuta gall**
アメリカネナシカズラ虫こぶにおける経時的な発現変動解析および組織学的解析
○別所-上原奏子[1]，Jyothi Udandarao[1]，土`田努[2]
[1]東北大・生命科学，[2]富山大・理学

9月1日（金）9:30-11:30：　B会場
座長：　植松圭吾，山﨑曜

9:30　**O2B-01：　Caste differences in biogenic amine levels in the brains of paper wasps and comparison with eusocial bees**
アシナガバチ類における脳内アミン量のカースト差とハナバチ類との比較
○佐々木謙[1,2]，吉村英翔[3]，西村正和[2]
[1]玉川大・院農，[2]玉川大・ミツバチ科学，[3]農研機構・東北農研

9:45　**O2B-02：　Effects of gene flow on the genetic basis of parallel evolution in sticklebacks**
遺伝子流動がトゲウオの平行進化の遺伝基盤に与える影響
○山﨑曜[1]，豊田敦[1]，小北智之[2]，森誠一[3]，北野潤[1]
[1]遺伝研，[2]九大・院農，[3]岐阜協立大・経

10:00　**O2B-03：　Environmental adaptation of Arabidopsis thaliana in population history: multi-omics approach of QTL, eQTL and population genome**
集団史に見るシロイヌナズナの環境適応：QTL・eQTL・集団ゲノムのマルチオミクスアプローチ
○中道礼一郎，北田修一，岸野洋久
[1]水産機構・資源研，[2]海洋大・名誉教授，[3]東大・院農

10:15　**O2B-04：　*Wolbachia* in the alien aphid *Cinara cedri*: strain identification, localization and vertical transmission**
外来アブラムシ *Cinara cedri* の報告と感染 *Wolbachia* の系統特定・体内局在・垂直感染
○野崎友成，小林裕樹，重信秀治
基礎生物学研究所・進化ゲノミクス研究室

10:30　**O2B-05：　Exploring the Causes of Elevated Mutation Rates in Unique Aquatic Plants**
特異な形態をもつ水生植物における分子進化速度の上昇とその原因探索に向けて
○片山なつ[1]，川口也和子[2]，磯田珠奈子[3]，西山智明[4]
[1]千葉大・院理，[2]遺伝研・理論生態進化，[3]県立広島大・生物資源，[4]金沢大・疾患モデル

10:45　**O2B-06：　Evolution in Airport: polymorphism of color patterns in pygmy grasshoppers under the anti-predatory environment**
バードストライク対策による空港での捕食圧の低下はそこに生息する昆虫の表現型に影響するか？
○林亮太[1]，鶴井香織[2]
[1]日本工営株式会社中央研究所，[2]琉球大・農

11:00　**O2B-07：　Rapid purging of introgressed genome after tsunami-induced hybridization**
津波直後にみられたトゲウオ科魚類の種間交雑と引き続く異種ゲノムの排除機構
○細木拓也[1,2]，森誠一[3]，西田翔太郎[3]，久米学[4],永野惇[5,6]，神部飛雄[7,8]，柿岡諒[9]，中本健太[10]，飯野佑樹[10]，小玉将史[11]，大場理幹[10]，石川麻乃[10]，山﨑曜[7]，北野潤[7,8]
[1]北海道大，[2]JSPS，[3]岐阜協立大，[4]京都大，[5]龍谷大，[6]慶應義塾大，[7]遺伝研，[8]総研大，[9]琉球大，[10]東京大，[11]鹿児島大

11:15　**O2B-08：　Superorganismality in social aphids**
社会性アブラムシの超個体性
○植松圭吾
慶応大・生物

9月1日（金）9:30-11:30：　C会場
座長：　小川浩太，柿岡諒

9:30　**O2C-01：　Tryptophanase disruption underlies the evolution of stinkbug-*Pantoea* mutualism**
トリプトファン代謝遺伝子欠損で *Pantoea* 属細菌がカメムシ相利共生細菌に進化する
○汪亜運[1]，古賀隆一[1]，小口晃平[2]，細川貴弘[3]，二河成男[4]，森山実[1]，深津武馬[1]
[1]産総研，[2]東大・院理・臨海，[3]九州大・理，[4]放送大・教養

9:45　**O2C-02：　Genomic divergence and the genetic architecture of phenotypic differences between sympatric fishes of *Oryzias* in Lake Poso**
ポソ湖において同所的種分化したメダカ属魚類のゲノム分化および表現型分化の遺伝的基盤
○柿岡諒[1]，安齋賢[2]，田中理映子[3]，佐藤正祐[3]，北野潤[4]，木村亮介[5]，山平寿智[1]
[1]琉球大・熱生研，[2]京都大・院農，[3]東山動植物園，[4]遺伝研，[5]琉球大・医

10:00　**O2C-03：　Why a philosopher of language is interested in camouflage?**
なぜ言語哲学者がカモフラージュに興味をもつのか。
○浅利みなと
都立大・大教センター/人文

10:15　**O2C-04：　Testing the intraspecific adaptation load hypothesis in an ant comunity**
アリ群集における種内適応荷重理論のテスト
○辻和希[1]，山道真人[2]，植松潤平[3]
[1]琉球大・農，[2]国立遺伝研，[3]鹿児島大・院連合農学

10:30　**O2C-05：　Predicting ecosystem changes by a new model of ecosystem evolution**
生態系進化モデルを用いて生態系変化を予測する
○吉田勝彦，畑憲治[2,3]，川上和人[4]，平舘俊太郎[5]，大澤剛士[6]，可知直毅[3]
[1]国立環境研・生物多様性，[2]日本大・商，[3]都立大・院理，[4]森林総研・鳥獣生態，[5]九州大・院農，[6]都立大・院都市環境

10:45　**O2C-06：　QTL analysis for flower color differentiation between *Lotus japonicus* and *L. burttii***
ミヤコグサ *Lotus japonicus* と *L. burttii* の花色に対する QTL 解析
○番場大[1]，和久渉[1]，佐藤修正[1]
[1]東北大・院・生命

11:00　**O2C-07：　Typhoon-induced Lammas growth promotes the non-dormant life-cycle of the Great Orange Tip butterfly Hebomoia glaucippe.**
○小川浩太[1]，中溝航[2]，松浦優[3]，佐竹暁子[2]
[1]九州大・比文，[2]九州大・院理，[3]琉球大・熱生研

11:15　**O2C-08：　Frequency-dependent selection and ecological emergence in budding yeast**
頻度依存的過程と多様性の生態的創発効果の整合性：出芽酵母を用いた検証
○高橋佑磨[1]，太田甫[2]，大谷一真[2]，松浦彰[1]，村上正志[1]
[1]千葉大・院・理，[2]千葉大・院・融

9月1日（金）9:30-11:30：　D会場（若手発表賞対象）
座長：　土松隆志，古賀皓之

9:30 **O2D-01Y：　Optimal mode-switching strategies for prey capture in hybrid predator agents**
○筒井和詩
名古屋大・情報学／高等研究院

9:45 **O2D-02Y：　SonicParanoid2: fast, accurate and comprehensive orthology inference with machine learning and language models**
SonicParanoid2: 機械学習と言語モデルを用いた高速，高制度かつ網羅的オルソログ同定法
○コセンティーノ　サルヴァトーレ，岩崎渉
東京大・院新領域・先端生命

10:00 **O2D-03Y：　Global connectivity and symbiosis of Palythoa hexacorals**
○Maria E. A. Santos[1], James D. Reimer[2], Masaru Mizuyama[3], Hiroki Kise[3], Wee H. Boo[4], Akira Iguchi[3], 'Ale'alani Dudoi[5], Robert Toonen[5], Marcelo V. Kitahara[6], Filip Husnik[1]
[1]OIST, [2]University of the Ryukyus, [3]National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, [4]Institut Perubahan Iklim, Universiti Kebangsaan, Malaysia, [5]Univeristy of Hawai'I, USA, [6]Federal University of Sao Paulo, Brazil

10:15 **O2D-04Y：　Hybrid speciation by sexual selection: a simulation study**
性選択による雑種種分化：シミュレーションによる研究
○Kotaro Kagawa[1]
[1]遺伝研

10:30 **O2D-05Y:　Temporary social parasitism in the ant Strumigenys mutica: colony composition and behavioral observation of a mixed colony with its host species Strumigenys solifontis and S. lewisi**
ヌカウロコアリによるウロコアリ，オオウロコアリへの一時的社会寄生および混合コロニーの行動
○Riou Mizuno[1,2], Chun-Chi Lin[3], Kunio Sadahiro[2], Ryota Hosokawa[2], Shogo Makita[2], Hiroki Matsumura[2], Fuminori Ito[2]
[1]OIST, [2]Faculty of Agriculture, Kagawa University, [3]National Changhua University of Education, Taiwan

10:45 **O2D-06Y：　Environmental DNA meets evolution: systematic analysis on species realized thermal niches and their vulnerability to climate warming in ray-finned fishes**
環境 DNA 解析×進化：硬骨魚類における生息温度と温暖化に対する脆弱性の俯瞰解析
○赤司寛志[1]，岩崎渉[1]
[1]東京大・院新領域

11:00 **O2D-07Y：　Sociogenetic structures of two parthenogenetic ants with contrasting modes of colony reproduction**
単為生殖アリ2種におけるコロニー繁殖様式と社会遺伝構造
○Naoto Idogawa[1], Atsushi J. Nagano[2], Shigeto Dobata[3]
[1]Department of Biological Sciences, School of Science, Tokyo Metropolitan University, [2]Faculty of Agriculture, Ryukoku University, [3]Graduate School of Arts & Sciences, University of Tokyo

11:15 **O2D-08Y：　Trojan horse in Insect-Microbe symbiosis**
昆虫-微生物共生系におけるトロイの木馬
○Kota Ishigami[1,2], Seonghan Jang[2,3], Aoba Yoshioka[4], Hiroyuki Morimura[2], Aya Yokota[5], Peter Maegart[5], Daisuke Nakane[4], Yoshitomo Kikuchi[1,2]
[1]Hokkaido University, [2]AIST, [3]KRIBB(Korea), [4]The University of Electro-Communications, [5]CNRS (France)

9月1日（金）9:30-11:30：　E会場
座長：　安齋賢，川合佑典

9:30 **O2E-01：　Phylogenetic analysis of lysyl-tRNA synthetase and aspaltyl-tRNA synthetase**
リジル tRNA 合成酵素とアスパルチル tRNA 合成酵素の分子系統解析
○木村円香，赤沼哲史
早大・人科

9:45 **O2E-02：　Olfactory avoidance of toxic volatile electrophiles is mediated by a broadly tuned olfactory receptor in Drosophila**
○松永光幸[1], Carolina E. Reisenman[2], 鈴木啓[2], David Tadrez[3], Matthieu Louis[3], Ramirez Santiago[4], Noah K Whiteman[2]
[1]東京大，[2]カリフォルニア大バークレー校，[3]カリフォルニア大サンタバーバラ校，[4]カリフォルニア大デイビス校

10:00 **O2E-03：　Evolutionary history of UGT genes involved in xenobiotic metabolism in mammals and birds and their relationship to plants**
哺乳類・鳥類における異物代謝に関わるグルクロン酸抱合酵素（UGT）遺伝子の進化と植物の関わり
○川合佑典[1]，池中良徳[2,3]，生城真一[4]，西川美宇[4]，一色乃亜[1]，武田一貴[5]，中山翔太[2,6]，久保田彰[1]，石塚真由美[2]
[1] 帯広畜産大・獣医，[2] 北大・院獣医，[3] ノースウェスト大（南アフリカ），[4] 富山県立大・工学，[5] 北里大・獣医，[6] ザンビア大・獣医

10:15 **O2E-04：　Visual adaptation to deep Antarctic Ocean in Notothenia species**
ノトセニア亜目における南極海の深場への視覚適応
○長田美沙，大田竜也，寺井洋平
総合研究大学院大・先導科学

10:30 **O2E-05：　How the local positive natural selection affects human genome evolution? – Using CYP1A2 gene polymorphisms as an example-**
地域特異的な自然選択のヒトゲノム進化への影響―CYP1A2の遺伝的多型を例として―
○知久彩楓[1]，颯田葉子[1,2]，五條堀淳[1,2]
[1] 総研大・先導研，[2] 総研大・統合進化科学研究センター

10:45 **O2E-06：　Centromere repositioning underlies karyotype evolution in *Oryzias* fishes**
メダカ属魚類の核型進化におけるセントロメア再配置
○安齋賢[1]，北野潤[2]
[1] 京都大・院農，[2] 遺伝研・生態遺伝

11:00 **O2E-07：　Metagenomic analysis of stomach contents reveals the feeding habits of nudibranch**
胃内容物のメタゲノム解析からウミウシ類の食性を探る
○山田優佳[1]，寺井洋平[2]
[1] 総研大・先導研，[2] 総研大・統合進化科学研究センター

11:15 **O2E-08：　Population genome analysis of Toxoplasma gondii isolated from an island in Southern Japan identifies unknown ancestral lineages linking T. gondii in East Asia and the Americas**
○猪原史成[1]，喜屋武尚子[2]，高島康弘[3]，小野文子[4]，林慶[4]，松尾智英[5]，五十嵐慎[6]，西川義文[6]，山内貴義[7]，関まどか[7]，福本晋也[6]，佐々木基樹[8]，筏井宏美[9]，草木迫浩大[9]，尾針由真[10]，吉田彩子[11]，笹井美和[1]，山本雅裕[1]
[1] 大阪大・微研，[2] 沖縄県・衛生研，[3] 岐阜大・応用生命，[4] 岡山理大・獣医，[5] 鹿児島大・獣医，[6] 帯畜大・原虫研，[7] 岩手大・農学，[8] 帯畜大・獣医，[9] 北里大・獣医，[10] 北大・人獣，[11] 宮崎大・獣医

9月1日（金）9:30-11:30：　F会場（若手発表賞対象）
座長：　長田直樹，手島康介

9:30 **O2F-01Y：　Decoding Japanese genetic architecture by whole-genome sequencing**
○Xiaoxi Liu[1], Satoshi Koyama[1,2,3], Kohei Tomizuka[1], Sadaaki Takata[1], Yuki Ishikawa[1], Shuji Ito[1,4], Shunichi Kosugi[1], Kunihiko Suzuki[1], Keiko Hikino[1], Yoshinao Koike[1,5], Momoko Horikoshi[1], Shiro Ikegawa[1,5], Kochi Matsuda[6], Yukihide Momozawa[1], Kaoru Ito[1], Yoichiro Kamatani[6], Chikashi Terao[1,7,8]
[1]RIKEN, [2]Broad Institute, USA. [3]Massachusetts General Hospital, USA. [4]Shimane University, [5]Hokkaido University, [6]The University of Tokyo, [7]Shizuoka General Hospital, [8]University of Shizuoka

9:45 **O2F-02Y：　Analysis of the anhydrobiotic mechanism through shotgun proteomics of tardigrade mitochondria**
ショットガンプロテオミクスを用いたクマムシミトコンドリアの乾燥耐性機構の解析
○田中冴[1,2]，秦裕子[3]，木嶋-田中順子[4]，三輪佳宏[4]，尾山大明[3]，國枝武和[5]
[1]NINS ExCELLS, [2]慶應大・IAB, [3]東大・医科研, [4]理研・BRC, [5]東大・院理

10:00 **O2F-03Y：　Parallel evolution of vision during the transition from nocturnal to diurnal hawkmoths**
夜行性から昼行性への移行に伴うスズメガの視覚の平行進化
○Tokiho Akiyama[1,2], Hironobu Uchiyama[3], Shunsuke Yajima[3], Kentaro Arikawa[1], Yohey Terai[1]
[1]The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI, [2]Kitasato University School of Medicine, [3]Tokyo University of Agriculture

10:15 **O2F-04Y：　Elucidating mechanisms of the emergence of acquired anti-cancer drug resistance in lung cancer.**
○瀬戸陽介[1]，藤田直也[2]，片山量平[1]
[1]公益財団法人がん研究会がん化学療法センター基礎研究部，[2]公益財団法人がん研究会がん化学療法センター所長室

10:30 **O2F-05Y：　Functional differentiation of food-related olfactory receptor V2R in cichlid**
シクリッドにおける食物関連嗅覚受容体 V2R の機能分化
○河村理輝，二階堂雅人
東工大・生命理工学院

10:45 **O2F-06Y：　Genomic, transcriptomic, and proteomic approaches toward understanding mitochondrial genome evolution in the common tree frog, *Polypedates leucomystax***
シロアゴガエルミトコンドリアゲノム進化の背景をゲノム・トランスクリプトーム・プロテオームから紐解く
○Yuuri Yasuoka, Yasushi Okazaki
RIKEN IMS

11:00 **O2F-07Y：　Investigation of evolutionary features of selection target haplotype in the Japanese**
○岩﨑理紗[1]，颯田葉子[1]
[1]総研大・統合進化

11:15 **O2F-08Y：　Gene flows between Sulawesi macaque species with geographically continuous distribution**
○荒川那海[1], Kanthi Arum Widayati[2], Xiaochan Yan[3], 今井啓雄[3], Bambang Suryobroto[2], 寺井洋平[1]
[1]総研大・統合進化科学研究センター，[2]ボゴール農科大，[3]京大・ヒト行動進化研究センター

★若手発表賞の発表・授賞：　9月3日（日）13：30～14：00：　ホール

９月２日-９月３日の催し

沖縄県市町村自治会館

■プレナリー講演

PL-01：　Social conquest, local adaptation and the limits of cooperation
社会性による環境制覇，局所適応，および協力の限界

Sheng-Feng Shen　（沈聖峰）
Biodiversity Research Center,
Academia Sinica, Taiwan
9 月 2 日（土）9:00-10:00：　ホール

My research focuses on understanding how ecology influences morphological, physiological, and behavioral adaptations in animals. In this talk, I will first examine how ecology influences the evolution of social behaviors, and how these behaviors subsequently influence the ecological consequences of social species. Using variation in the social behavior of burying beetles across Asia, including populations in Taiwan, Amami Oshima in Japan, and Sichuan in China, I will analyze the effects of temperature and interspecific competition on the evolution of their cooperative behaviors. I will then use theoretical models and comparative studies of 6500 bird species to show that species that evolve cooperative breeding behaviors in harsh environments have larger species distribution ranges. Conversely, species that evolve cooperative behaviors in benign environments show no relationship with range size. In addition, we identified distinct local adaptations in the reproductive photoperiod of burying beetles in Taiwan, Japan and China. By comparing genetic variation between year-round and seasonal breeders and using lab hybrid experiments, we found that different populations in Taiwan regulate the reproductive photoperiod through different genetic mechanisms. Phylogenetic tree reconstructions suggest that current burying beetle populations in Taiwan are composed of descendants of multiple immigration events, and that chromosomal inversions have helped maintain genetic variation within these populations. Ultimately, I hope that my talk will illustrate how field research enables us to understand and appreciate the ways in which evolution shapes the diversity of life and adaptations in nature.

私は，生態（ecology）が動物の形態，生理，および行動の適応にどのように影響を与えるかをテーマに研究しています．今回の講演では，まず，生態が社会行動の進化に与える影響，その進化した行動が結果的にもたらす動物の生態について話します．具体的には，アジアに分布するシデムシの社会的行動の変異を例に挙げ，台湾，日本の奄美大島，中国の四川省に生息する個体群を含め，温度と種間競争が協力行動の進化にあたえる影響を分析します．次に，理論モデルと 6500 種の鳥類の比較データを用い，厳しい環境で協同繁殖行動が進化した種は分布範囲が広い傾向にあり，その一方で，穏やかな環境で協力行動が進化した種には分布範囲との関連性が見られないことを示します．さらに，台湾，日本，中国のシデムシにおいて，繁殖光周期に明確な局所適応の存在を明らかにしました．年中繁殖する集団と季節的に繁殖する集団の遺伝的変異を比較研究し，実験室での交配実験も行った結果，台湾内の複数個体群が異なる遺伝的メカニズムにより繁殖光周期を調整していることを明らかにしました．系統樹の再構築により，現在の台湾のシデムシ個体群が複数の移入イベントで構成されており，染色体逆位がこれらの個体群間の遺伝的変異をの維持に貢献している可能性が示唆されました．おわりに，進化がいかに自然界における生命の多様性と適応を生み出のか，そしてその正しい理解と評価とためにフィールド研究がいかに貢献するのか，私の講演でアピールできたらうれしく思います．

PL-02： Trap-jaws, treasure maps, and the metaverse: biodiversity science in the era of big data
トラップ・ジョーズ，宝の地図，そしてメタバース：ビッグデータ時代の生物多様性科学

Evan P. Economo
Biodiversity and Biocomplexity Unit,
Okinawa Institute of Science and Technology
9 月 2 日（土）10:00-11:00： ホール

The information revolution is well underway, and how we study and interact with biodiversity continues to evolve. In this talk, I explore how emerging technologies intersect with field and organism-centered research to better understand the evolution of biodiversity and how it is changing in the Anthropocene. First, I discuss research scaling up from field surveys to resolve a species-level map of life for ants, and how this illuminates both global patterns of diversification and important regions for conservation. Second, we need to understand eco-evolutionary change under modern stressors. I highlight work applying high-throughput sequencing and population genomic analysis to field collections to evaluate patterns of community-wide change over the last few millennia across an insular ant fauna. Third, organisms are more than points on a map, and 3D X-ray tomography can capture big data on organismal form and function across the ant tree of life. These new imaging and computer vision technologies, combined with natural history and field studies, open routes to better understand the evolution of phenotypes. As an example, I present work on the spectacular diversification of ant mandibles, including the repeated evolution of specialized ultrafast weapons. Finally, I offer some perspectives for how big biodiversity data and immersive media technologies can change how we interact with biodiversity in the lab, at home, and in the field.

情報革命は進行中であり,私たちが生物多様性を研究し,それとつきあう方法も進化し続けている. 本講演では，生物多様性の進化と，それが人新世においてどのように変化しているのかをよりよく理解するために，新たなテクノロジーがフィールド調査や生物に焦点を当てた研究とどのように交差しているのかを探る．第一に，フィールド調査からスケールアップしてアリの種レベルの生命地図を作成する研究，そしてこの研究によって多様化の世界的パターンと保全のための重要な地域の両方がどのように明らかになったかについて述べる. 第二に, 現代のストレス要因下における生態=進化的な変化を我々は理解する必要があるが，ハイスループット塩基配列決定と集団ゲノム解析をフィールドコレクションに適用し，ある島嶼のアリ相における過去数千年にわたる群集全体の変化パターンを評価した研究を紹介する．第 3 に，生物を地図上の点ではなく，3D X 線断層撮影を用いることで，アリ類の生命樹全体にわたる形態と機能に関するビッグデータを概観ができることを紹介する．このような新しいイメージング技術やコンピューター・ビジョン技術と，自然史やフィールド研究を組み合わせることで, 表現型の進化をより深く理解する道が開ける. その一例として, 特殊な超高速武器の度重なる進化を含む, アリの大あごの壮大な多様化に関する研究を紹介する. 最後に, 生物多様性のビッグデータと没入型メディア技術が，研究室や家庭，フィールドにおける生物多様性との関わり方をどのように変えることができるかについて，いくつかの展望を述べる.

■2023 年度日本進化学会総会

9 月 2 日（土）14:30-15:30：　ホール

■2023 年度学会賞授賞式

9 月 2 日（土）15:30-15:50：　ホール

◆日本進化学会賞

藤原 晴彦 (東京大学)
「擬態紋様形成の分子機構と進化プロセスの研究」

受賞講演：
超遺伝子が制御するアゲハのメス限定ベイツ型擬態
9 月 2 日（土）15:50-16:50：　ホール

◆研究奨励賞

福島 健児（University of Würzburg）
「食虫植物と収斂進化を起点とした進化研究」

吉田 恒太（Max Planck Institute for Developmental Biology）
「ゲノム構造進化と種分化に関する研究」

別所－上原 学（名古屋大学）
「発光生物を対象とした進化学的視点からの研究」

◆教育啓発賞

深津 武馬（産業技術総合研究所）
「昆虫類と微生物の共生進化に関する一般向け著書・講演・教育活動を通した啓発」

http://sesj.kenkyuukai.jp/special/index.asp?id=41048

■進化学夏の学校

オーガナイザー：　下地博之（琉球大）

近年，遺伝情報から行動，生態系に至るまで生物の持つ様々な情報の蓄積は，データベース化され広く共有されており，これらを利用することで，生物が示す多様性を理解する試みがなされている．このように，データドリブンな研究が加速する一方で，私たちは研究材料である生物や生物システムの野外での振る舞いをどのくらい知っているのだろうか．行動制限がなくなり，時間が許せばフィールドへ出られる今だからこそ，原点回帰を考える良い機会だと考えた．今年の夏の学校は，２名の気鋭の若手研究者にご講演していただきます．

SL-01：　Unraveling bryophyte-animal Interactions: Exploring time and space
コケと動物の関係を追いかけて時空を旅する
今田弓女
京都大・大学院理学研究科
9 月 3 日（日）9：00～10：00：　ホール
While insects that consume angiosperms play a vital role in terrestrial biodiversity, the scarcity of insect herbivory on bryophytes and ferns remains poorly understood. Moss carpets, often considered enemy-free spaces, have limited our understanding of bryophyte-animal interactions. I have studied the natural history of diverse animals associated with bryophytes, particularly of Cylindrotomid craneflies excellently camouflaging moss. Their camouflage suggests the presence of visually hunting predators using moss carpets as hunting grounds. Recent studies have shed light on the interactions between mosses and animals, encompassing arthropods influencing moss reproduction and dispersal and birds utilizing moss for foraging and nesting. By integrating insights across trophic levels and spatial scales, I aim to uncover how bryophytes support diverse animal life in forest ecosystems and how animals contribute to the adaptation of these bryophytes. This research illuminates the functioning and evolutionary transitions of forest ecosystems.

SL-02：　How do you balance your focus on conceptual questions with fucus on questions motivated by the organisms you study?
水元惟暁
沖縄科学技術大学院大学
9 月 3 日（日）10：00～11：00：　ホール
生物を対象にした研究では，一般的な進化の法則性を明らかにするという目標もあると同時に，研究対象の生物についてもっとよく知りたいという好奇心もある．研究人生を通じてこの２つのバランスをどうとるのか？これは私がとある面接で尋ねられた問いである．私はシロアリを主な研究対象として，動物の集団行動における行動メカニズムや進化プロセスを明らかにすることを目標として研究してきた．その過程で，概念モデルを実際の生き物で検証するためには，その生物の生態・生活史・進化史について深い理解が必要であることを痛感してきた．そしてシロアリという研究対象について，数理モデル・野外観察・行動実験・行動解析・シミュレーション・系統種間比較・化石情報といった様々なアプローチをとることとなった．本講演では，上記の問いに対する私なりの回答を述べることで，話題提供したい．

■市民公開講座

日本進化学会第 25 回大会　市民公開講座
Evolutional studies from Okinawa
沖縄から発信する進化学研究 ～国立自然史博物館設立の意義とその役割

オーガナイザー：　竹村明洋（琉球大）
沖縄には多種多様な生物が生息し，海にも陸にも貴重で興味深い生態系が形成されています．長い年月をかけて脈々と受け継がれてきた生命の営みが今に続いています．このような意味で．沖縄は生命の進化を考える上でホットスポットと言えるかもしれません．自然豊かな沖縄に国立自然史博物館を誘致しようとする活動が，現在活発に行われています．2022 年 5 月 15 日に決定された新・沖縄 21 世紀ビジョン基本計画（沖縄振興計画）にもアジアの自然史科学の拠点「国立沖縄自然史博物館」設置促進が明記されています．
この市民講座では，国立沖縄自然史博物館の誘致活動をご紹介するとともに，動物系，植物系，そして人類系の研究者が沖縄で行われている進化研究の先端研究の一端をご紹介いただく予定です．

日時：2023 年 9 月 3 日（日）14:00（開場：13:30）-17:10
場所：沖縄県市町村自治会館 大ホール
入場無料

14:00-14:05　開会の挨拶
辻和希　琉球大学・農学部教授

14:05-14:35　**EL-01：　国立沖縄自然史博物館誘致活動の現状**
岸本建雄　お茶の水女子大学・客員教授，国立自然史博物館設立準備委員会代表理事

14:35-15:15　**EL-02：　博物館標本でわかるリアルな進化**
辻和希　琉球大学・農学部教授，琉球大学博物館長

15:25-16:05　**EL-03：　生物多様性を見える化：ネイチャーポジテイブへ向けて**
久保田康裕　琉球大学・理学部教授，株式会社シンク・ネイチャーCEO

16:05-16:45　**EL-04：　日本列島人のゲノム多様性からみたその起源と成立**
斎藤成也　国立遺伝学研究所・特任教授

16:45-17:05　総合討論
座長: 竹村明洋　琉球大学・理学部教授

16:50-17:10　閉会の挨拶
木村亮介　琉球大学・大学院医学研究科教授

EL-01： Update of the initiatives towards the establishment of the National Museum of Natural History, Okinawa

国立沖縄自然史博物館誘致活動の現状

岸本健雄　　お茶の水女子大学・客員教授，国立自然史博物館設立準備委員会代表理事

日本初の国立自然史博物館を沖縄に創設しようとの活動が，この 10 年余にわたって進んでいる．「国立沖縄自然史博物館」は自然史科学の標本収集と維持・研究・展示・大学院大学・共同利用という 5 つの役割を担い，アジアの自然史科学の拠点を目指している．その設立活動は，2016 年 5 月に日本学術会議から提言「国立自然史博物館設立の必要性」を公表し，それを受けて沖縄県との連携を本格化させたことで実質化した．活動母体は，私たち，提言作成に関わった有志で組織した一般社団法人国立沖縄自然史博物館設立準備委員会である．2022 年 5 月に公表の沖縄振興計画「新・沖縄 21 世紀ビジョン基本計画」でも設置促進が策定されおり，目下，誘致県民会議の立ち上げや，沖縄県議と国会議員の双方での議員連盟結成の動きもある．私たちは 2032 年での復帰 60 周年記念開館を標榜しており，それに向けての設立活動の進捗状況を報告したい．

EL-02： Real-time evolution revealed in museum specimens

博物館標本でわかるリアルな進化

辻和希　　琉球大学・農学部教授，琉球大学博物館長

今日は生物進化の研究における博物館標本使用のあまり知られていない側面について講演します．博物館といえば「恐竜の骨」という印象があるように，博物館の化石標本は生物の進化史をひも解くのに使われます．一方，博物館には現生生物の標本も多数コレクションされています．研究技術の発展に伴い，これらの標本がいまリアルタイムに起きつつある進化の「生き証人」になることが近年次々と明らかにされてきました．人新世とも呼ばれる現代では生物は急激な環境変化をしばしば経験しますが，これに呼応し現生の生物集団も変化し続けていることが，博物館コレクションからかわるのです．これらは一見「意味もなく蒐集されてきた」ようにもみえる自然史標本が，人と自然の関わりの歴史のアーカイブとして我々人類にとって計り知れない財産であることを物語ります．

EL-03： Visualizing nature by biodiversity big data: Toward nature-positive and nature-symbiotic society

生物多様性ビッグデータによる自然環境の見える化：ネイチャーポジテイブと自然と共生する社会を目指して

久保田康裕　　琉球大学・理学部教授，株式会社シンク・ネイチャーCEO

気候変動対策と並んで，生物多様性の保全再生はとても重要な社会課題です．一方で，生物多様性の豊かさやその消失の過程は，一般の人々には直感的に把握しにくい現象かもしれません．このような観点から，私たちの研究チームは，マクロ生態学的アプローチで自然環境の可視化を推進し，システム化保全計画の方法論を元に，生物多様性の保全施策を提案してきました．さらに，基礎・応用研究成果を社会実装するために，株式会社シンク・ネイチャー（スタートアップ）を立ち上げて，2030 年目標の“ネイチャーポジテイブ”，2050 年目標の“自然と共生する社会”の実現に貢献しようとしています．本講演では，生物多様性見える化の最前線と，それを元にした生物多様性ビジネスの展望を紹介します．

EL-04： Origin and formation of Japanese Archipelago people viewed from their genome diversity

日本列島人のゲノム多様性からみたその起源と成立

斎藤成也　　国立遺伝学研究所・特任教授

2018 年度から 2022 年度まで 5 年間にわたっておこなわれた文部科学省の新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」の成果をふまえて，日本列島人（ヤポネシア人）の起源と成立について，現代人と古代人のゲノム配列データを中心に解説する．

■高校生ポスター発表（みんなのジュニア進化学）

コアタイム：　９月２日（土）11：00～12：00：　ホワイエ
表彰式：　　９月２日（土）14：00～14：30：　ホール

HP-01：　フラクトオリゴ糖で増加する短鎖脂肪酸生産菌の培養と検出
竹内愛惺，林 寛人，川口秀翔
山村国際高等学校

HP-02：　ゲノム編集を用いて台風に負けないアイスクリームバナナをつくる
重川富侑子
愛媛県立松山東高等学校

HP-03：　ガジュマルコバチと寄生コバチの共生関係～寄生コバチは送粉しているのか～
斎藤瑞貴，宜保左彩楽，太田夕杜由
沖縄県立球陽高等学校

HP-04：　飼育下チンパンジーにおける環境エンリッチメントの効果について
島袋優真，田中黎明，山城未奈，上原未羽，梶田さくら
沖縄県立球陽高等学校

HP-05：　カラスバトの音声コミュニケーションについて
相田麻衣，田村晴
東京都立国分寺高等学校

HP-06:　GPS を使ったカラスバトの生態解明
納谷莉子，山田美弥
東京都立国分寺高等学校

HP-07：　植物グルコシノレート生合成に関わる硫酸転移酵素の X 線結晶構造解析
斉藤成来
福岡県立明善高等学校，九大 QFC プログラム

HP-08：　愛媛県道後姫塚から発見される化石
黒田奈那
愛媛県立新居浜西高等学校

HP-09：　沖縄県の主要な樹木の防火効果に関する研究
邱 晨
沖縄県立開邦高等学校

HP-10：　カカオポリフェノールの経口摂取によるヘアレスマウスの日焼け予防効果
塩田はな
山村国際高等学校

HP-11：　ペーパーディスク法によるハンドソープの手指細菌におよぼす抗菌効果
宮﨑萌衣
山村国際高等学校

HP-12：　沖縄本島に分布するクロモの形態に及ぼす環境の影響
岸本琉愛，伊佐朱里，上原彩芽，川上明花，ピーターズ ダナ 小桃，久貝姫花，比嘉音々，宮城星蘭，稲嶺璃愛
沖縄県立美里高等学校

HP-13：　ゼニゴケの葉状体再生について
加藤美佳
愛媛県立松山北高等学校

HP-14：　シルバーフィッシュの生態～色の識別はできるのか？～
眞榮城綾香，新城瑠衣菜，仲村春奈，津嘉山珠瑠，玉城槙男
沖縄県立球陽高等学校

HP-15：　ゼブラフィッシュを用いた rbm20 によるタイチンのスプライシング制御の進化的保存性
島村 杏
昭和薬科大学附属高等学校

HP-16：　ミナミコメツキガニの左右性の有無についての検証
又吉 綾
昭和薬科大学附属高等学校

HP-17：　自然環境や土地利用によって生息するアリ種はどのように異なるのか？
津波柊次朗
沖縄県立向陽高等学校

■一般ポスター発表

コアタイム（奇数番号）：
　　９月２日（土）13:00-13:30：　4F ポスター会場
　　９月３日（日）11:30-12:00：　4F ポスター会場
コアタイム（偶数番号）：
　　９月２日（土）13:30-14:00：　4F ポスター会場
　　９月３日（日）11:00-11:30：　4F ポスター会場
★演題番号の末尾に Y があるものは，若手発表賞の対象です.
　若手発表賞の発表・授賞：　９月３日（日）13：30～14：00：　ホール

P-001Y：　Biosynthesis pathway of cyanogenic glycoside and its convergent evolution in Lepidoptera and plants
鱗翅目と植物における青酸配糖体生合成経路とその収斂進化
○石田響子[1]，牧野能士[2]
[1]東北大・理・生物，[2]東北大・院生命

P-002Y：　Exploration of Human-Specific Gene Expression Induced by Transcriptional Activity of Transposable Elements in the 3D Genome Structure
トランスポゾン転写によって形成されたヒト特異的な遺伝子発現をもたらすゲノム立体構造の探索
○渡邊峰[1]，牧野能士[2]
[1]東北大・理・生物，[2]東北大・院生命

P-003Y：　Evolutionary mechanism of bow-tie architecture in intracellular molecular network
細胞内分子ネットワークにおける bow-tie 構造の進化原理
○伊藤冬馬[1]，近藤洋平[1]，青木一洋[1]，斉藤稔[2]
[1]基生研・総研大・ExCELLS，[2]広大・ExCELLS

P-004Y：　Exploring genetic changes related to lifespan evolution associated with the acquisition of flight
飛翔の獲得にともなう寿命の進化に関わる遺伝的変化の探索
○松田優樹[1]，牧野能士[1]
[1]東北大・院・生命

P-005Y：　Function of B chromosome and relationship with sex chromosome evolution in *Drosophila asahinai*
アサヒナショウジョウバエにおける B 染色体の機能および性染色体との関連
○唐木書子[1]，野澤昌文[1,2]
[1]東京都立大・院理・生命科学，[2]東京都立大・生命情報研究センター

P-006Y：　Search for the female determinant factors in the termite *Reticulitermes speratus*
○當房睦明，藤原克斗，林良信，宮崎智史，前川清人
[1]富山大・院理工，[2]富山大・院理工，[3]慶應大・生物，玉川大・院農

P-007Y： Species comparison of the single-cell transcriptome of Drosophila brain
ショウジョウバエの全脳シングルセルトランスクリプトームの種間比較
○中村有紀子[1]，大橋拓朗[1]，山腰春奈[1]，重信秀治[2]，上川内あづさ[1]，石川由希[1]
[1]名古屋大・院理，[2]基礎生物学研究所

P-008Y： Genomic analysis of population structure in Japanese *Arabidopsis halleri*
集団ゲノム解析からみたハクサンハタザオの日本列島における集団構造と進化史
○須田崚[1]，久保田渉誠[2]，森長真一[3]，土松隆志[1]
[1]東大・理・生物，[2]ファスマック，[3]帝京科学大・生命環境

P-009Y： Assessing inbreeding depression in captive bred endangered plants by detecting deleterious mutations
有害変異の検出によって飼育下で繁殖した絶滅危惧植物の近交弱勢を評価する
○新中健斗[1]，牧野能士[1]
[1]東北大・院生命

P-010Y： Exploring the Molecular Mechanisms of Human Acclimatization to High-Altitude through Differential Gene Expression Induced by Hypobaric Hypoxic Environments
低圧低酸素環境で誘導される発現変動遺伝子から探るヒト高地順化の分子メカニズム
○林瑞生[1]，西村貴孝[2]，中山一大[3]，有馬弘晃[4]，太田博樹[5]，小川元之[1,6]，勝村啓史[1,6]
[1]北里大・院医療，[2]九州大・院芸術工，[3]東大・院新領域，[4]長崎大・熱帯医，[5]東大・院理，[6]北里大・医

P-011Y： Evolutionary trajectory of Y chromosome loss in *Drosophila* ~ translocations and gains of Y-linked genes
ショウジョウバエにおける Y 染色体消失過程の解明～Y 染色体遺伝子の転座と獲得に着目して
○佐藤伶圭[1]，小川雅文[1]，小川佳孝[1]，野澤昌文[1,2]
[1]都立大・院理・生命科学，[2]都立大・生命情報研究センター

P-012Y： Allelic disruption of umami taste receptor gene TAS1R1 in a non-insectivorous strepsirrhine primate, potto
○Qinyuan Ji[1], Min Hou[1], Muhammad S. Akhtar[1], Takashi Hayakawa[2], Amanda D. Melin[3] and Shoji Kawamura[1]
[1]Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, [2]Faculty of Environmental Earth Science, Hokkaido University, [3]Department of Anthropology and Archaeology, Department of Medical Genetics, University of Calgary

P-013Y： Estimation of the rate of sex chromosome non-disjunction in *Drosophila nasuta*
テングショウジョウバエにおける性染色体不分離率の推定
○萩野里奈[1]，田村浩一郎[1,2]
[1]都立大・院理，[2]都立大・生命情報セ

P-014Y : Investigating the Relationship Between ApoEb and Novelty-Seeking: Examining ApoEb-Related Behavior and its Genetic Variations in Medaka (Oryzias latipes)
メダカ（Oryzias latipes）における ApoEb 関連行動及びその遺伝的変異の検討
○木村文昭[1]，尾田正二[2]，笠原麗美[3]，秋山辰穂[3]，太田博樹[4]，小川元之[1,3]，竹内秀明[5]，勝村啓史[1,3]
[1] 北里大・院医療，[2] 東京大・院新領域，[3] 北里大・医，[4] 東京大・院理，[5] 東北大・院生命

P-015Y : Exploration of insulin-like peptides(ILPs) responsible for the development of rhinoceros beetle horns
カブトムシの角サイズを制御するインスリン様ペプチド(ILP)の探索
○荻陽菜子[1]，岡田泰和[2]
[1] 都立大・院理，[2] 都立大・理

P-016Y : Genome-wide Diversity Analysis to Infer Population Structure and Population History of Medaka (Oryzias latipes) in Nansei Islands
ゲノム多様性解析による南西諸島メダカの集団構造とその集団史推定
○片岡新[1]，五十嵐耀[2]，鹿野雄一[4]，小川元之[1,3]，勝村啓史[1,3]
[1] 北里大・院医療，[2] 北里大・理，[3] 北里大・医，[4] 一般社団法人・九州オープンユニバーシティ

P-017Y : Horizontal gene transfer evolution from marine bacteria to gut microbiome in cetacean lipid digestive adaptation
鯨類の脂質消化適応における海洋細菌から腸内細菌への遺伝子水平伝播進化
○竹内颯[1]，松石隆[2]，早川卓志[3]
[1] 北大・院環，[2] 北大・院水，[3] 北大・院地環

P-018Y : Transcriptomic comparative analysis of queen bees during lifestyle transition
○Yuhang Jia, Takashi Makino
東北大・生命科学

P-019Y : Phospho-tyrosine signaling of unicellular holozoan and origin of animal multicellularity
単細胞ホロゾアのチロシンリン酸化シグナルと動物の多細胞化
○日野礼仁[1]，白岩和紗[2]，菅裕[3]
[1] 県立広島大・院生命システム，[2] 県立広島大・生命環境，[3] 県立広島大

P-020Y : Parasitic lifestyle and genome evolution of novel endosymbiotic Clostridia within cellulolytic protists
細胞内寄生性クロストリディア綱細菌の発見と寄生体進化プロセスの解明
○高橋一樹[1]，桑原宏和[1]，堀川雄太郎[1]，伊澤和輝[1]，加藤大貴[1]，稲垣辰哉[1]，雪真弘[2]，大熊盛也[2]，本郷裕一[1,2]
[1] 東工大・生命理工, [2] 理研 BRC-JCM

P-021Y : Regulatory mechanism underlying photoperiodic response of fatty acid desaturase *Fads2* in sticklebacks
トゲウオにおける脂肪酸合成酵素 *Fads2*の日長応答性の発現制御機構
○木鋪久義[1], 石川麻乃[1]
[1] 東京大・新領域・先端生命科学

P-022Y : Selecting useful CNS for rice improvement based on structural variations causing gene expression change
発現量を変動させる構造変異に基づくイネ改良のための CNS 選抜
○鈴木優太[1], 岩嵜航[1], 牧野能士[1]
[1] 東北大・院生命

P-023Y : An attempt to estimate phylogenetic relationships using whole genome sequencing data in the Delphinidae family
マイルカ科における全ゲノムシーケンスデータを用いた系統関係推定の試み
○平松優花[1], 溝端秀彬[1], Jayan Duminda Mahesh Senevirathna[1,2], スミスアシュレイ梨花[1], 宮下梨菜[1], 船坂徳子[3], 浅川修一[1]
[1] 東京大・農, [2]Department of Animal Science, Faculty of Animal Science and Export Agriculture, Uva Wellassa University, [3] 三重大・生物資源

P-024Y : Deciphering metazoan evolution to understand the evolutionary history of Whole-body regeneration
○Shankar Chereddy[1], Rei Kajitani[2], Miho Hosaka[3], Takehiko Itoh[2], Makoto Kashima[3], Takashi Makino[1]
[1]Tohoku University, [2]Tokyo Institute of Technology, [3]Toho University

P-025Y : Genetic Basis of Sexual Dimorphism in Harmonia axyridis Spots
ナミテントウ斑紋の性的二型の遺伝的基盤
○家木壮一, 安藤俊哉
京都大・院農

P-026Y : Evolutionary mechanisms of temperature adaptation of circadian rhythmic genes in *Drosophila albomicans*
○Agarwal Sheetal[1] and Koichiro Tamura[1,2]
[1]Dept of Biol. Sci., [2]RCGB, Tokyo Metropolitan Univ.

P-027Y : The mitochondrial genome and phylogenetic analysis of dolphin genus Lagenorhynchus
ミトコンドリアゲノム分析に基づくカマイルカ属の系統解析
○スミスアシュレイ梨花, 溝端秀彬, 宮下梨菜, 米澤遼, 平松優花, 吉武和敏, 木下滋晴, 浅川修一
東大・院農

P-028 : Comprehensive analysis to elucidate the gene regulatory mechanisms regulated by the AmnSINE1 region

○岩﨑 裕貴[1]，西原秀典[2]，岡田典弘[1,3]
[1] 長浜バイオ大，[2] 近畿大，[3] 北里大

P-029 : Exploring the sex ratio distorter of *Drosophila obscura*
***Drosophila obscura* における性比歪曲因子の探索**

○加藤雄大[1]，陳胤佳[1]，野澤昌文[1,2]
[1] 都立大・院理・生命科学，[2] 都立大・生命情報研究センター

P-030 : Genes involved in spread of SARS-CoV-2 into the lower respiratory tract may be under adaptive selection
SARS-CoV-2の下気道への広がる性質に関する遺伝子と適応進化

○高田光輔[1]，大場靖子[2]，木田裕里恵[1]，呉佳齊[3]，小野慎子[4,5]，松浦善治[4,5]，中川草[3]，澤洋文[6]，渡辺登喜子[1,5]
[1] 阪大・微研・分子ウイルス分野，[2] 北大・人獣研，[3] 東海大・医学部，[4] 阪大・微研・ウイルス制御学グループ，[5] 阪大・感染症総合教育研究拠点，[6] 北大・ワクチン拠点

P-031 : Spatiotemporal distribution analysis of SARS-CoV-2 variants in the Kitakawachi area based on genomic analysis
ゲノム解析に基づく北河内医療圏における新型コロナウイルス変異株の時空間分布解析

○安河内彦輝[1]，下埜敬紀[2]，神田靖士[2]，上野孝治[2]，宮下修行[2]，甲田勝康[2]，藤澤順一[2]，大隈和[2]，神田晃[3]，西山利正[2]，大橋順[4]，中森靖[5]，日笠幸一郎[1]
[1] 関西医科大・生命医学研究所，[2] 関西医科大・医，[3] 関西医科大・附属病院，[4] 東京大・院理，[5] 関西医科大・総合医療センター

P-032 : Functional characterization of a sole bitter taste receptor in sharks and rays

○糸井川壮大[1,2]，戸田安香[1]，工樂樹洋[3]，石丸喜朗[1]
[1] 明治大・農，[2] 日本学術振興会，[3] 遺伝研・分子生命史

P-033 : Evolutionary dynamics of mutation spectrum in bacterial endosymbionts

○金城幸宏
沖国大・経済

P-034 : Evolutionary strategy of the coral Montipora

○善岡 祐輝[1,2]，新里 宙也[1]
[1] 東京大・大海研，[2]OIST

P-035 : Elucidation of the mechanisms of salt tolerance and distributional transition of azuki been related wild species, *Vigna nakashimae*
アズキ近縁野生種ヒメツルアズキの耐塩性機構の解明と分布の変遷

○武藤千秋[1]，伊藤海帆[2]，清古貴[1]，内藤健[1]
[1] 農研機構遺伝資源研究センター，[2] 東京大・院新領域

P-036 :　Genetic basis of thermogenic induction and regulation in plants
植物の発熱誘導・制御の遺伝基盤の解明
○佐藤光彦
かずさ DNA 研

P-037 :　Power of neutrality tests for detecting natural selection
自然選択検出法の検出効率に関する考察
田中智崇[1]，早川敏之[2]，○手島康介[3]
[1] 九州大・システム生命科学，[2] 九州大・基幹教育，[3] 九州大・理

P-038 :　Comparative genome analyses of three individuals of *Lucensosergia lucens*
サクラエビ３個体からのゲノム比較解析
○後藤康丞[1]，鈴木朋和[2]，小林憲一[2]，萩原快次[2]，岡本一利[1,2]，峯田克彦[1,3]，五條堀孝[1,4]，齋藤禎一[1]
[1] 一般財団法人マリンオープンイノベーション機構，[2] 静岡県水産・海洋技術研究所，[3] 早稲田大，[4]King Abdullah University of Science and Technology

P-039 :　Parent-of-origin specific gene expression in the queenless ponerine ant, *Diacamma* cf. *indicum*
トゲオオハリアリにおける片親特異的な遺伝子発現
○若宮健[1]，土畑重人[2]，岡田泰和[1]
[1] 東京都立大・理，[2] 東大・院総合文化

P-040 :　Decoding the evolutionary dynamics: exploring hybridization of house mouse subspecies in East Asia
○藤原一道[1]，久保俊平[2]，遠藤俊徳[2]，高田豊行[3]，城石俊彦[4]，鈴木仁[5]，長田直樹[2]
[1] 遺伝研，[2] 北大・院情，[3] 理研 BRC・統合情報開発室，[4] 理研 BRC，[5] 北大

P-041 :　Comparative genome analysis of amphibious and terrestrial species in *Callitriche* (Plantaginaceae)
オオバコ科アワゴケ属の水草とその近縁陸生種の比較ゲノム解析
○古賀皓之[1]，ドル有生[1,2]，塚谷裕一[1]
[1] 東大・院理，[2] 奈良先端大・バイオ

P-042 :　Detecting signals of positive natural selection in the Jomon people
縄文人における正の自然選択の検出
○渡部裕介[1]，脇山由基[1]，和久大介[2]，中村友香[1]，小金渕佳江[1]，長岡朋人[3]，平田和明[4]，米田穣[5]，山田康弘[6]，高橋龍三郎[7]，大橋順[1]，太田博樹[1]
[1] 東大・院理，[2] 東農大・国際食料情報学，[3] 青森公立大・経営経済学部，[4] 聖マリアンナ医科大・院医，[5] 東大・総合研究博物館，[6] 東京都立大・院人文科学，[7] 早大・文学学術院

P-043 :　Explosive Diversification of Cationic Amino Acid Transporter Genes in Placental Mammals
哺乳類における塩基性アミノ酸トランスポーター遺伝子の多様化
○中村遥奈[1]，二階堂雅人[2]
[1] 総研大，[2] 東工大・生命理工

P-044Y :　Branching architecture and genetic diversity within an individual tree
樹形構造と体細胞突然変異による樹木個体内の遺伝的多型
○富本創[1]，佐竹暁子[2]，巌佐庸[2]
[1] 九大・システム生命科学，[2] 九大・理

P-045Y :　Comparison of mating frequencies in the dimorphic female butterfly, *Papilio polytes* (Lepidoptera: Papilionidae)
シロオビアゲハ *Papilio polytes* のメス二型間の精包保有数に基づく交尾回数の比較
○吉岡秀陽
琉球大・院農

P-046 :　Estimating genetic diversity of a taxon: Simulation test under spatial sampling
分類群の遺伝的多様性推定：空間抽出下でのシミュレーション検証
○青木聡志，石濱史子，深澤圭太
国立環境研究所・生物多様性

P-047 :　Estimating rewards and genetic underpinnings of antipredator behavior in *Drosophila melanogaster* through inverse reinforcement learning
逆強化学習を用いたショウジョウバエの対捕食者行動における報酬推定とその遺伝基盤の解明
○佐藤大気[1,2]，松田一流[3]，荒井幸代[3]，髙橋佑磨[2]
[1] 千葉大・IAAR, [2] 千葉大・院理, [3] 千葉大・院工

P-048 :　Estimation of Painters' Influence Based on Unsupervised Learning of Evolutionary Model for Painting Styles
絵画創作スタイルの進化モデルの教師なし学習に基づく画家の影響度推定
○中村栄太[1]，齋藤康之[2]
[1] 京都大・院情，[2] 木更津高専・情工

P-049 :　Continuous and wide-raging interactions in the prehistoric Jomon hunter-gatherers of the Japanese archipelago: A geometric morphometric analysis of three-dimensional data
○中尾央[1]，中川朋美[1]，金田明大[2]，田村光平[3]，野下浩司[4]，吉田真優[1]
[1] 南山大，[2] 奈文研，[3] 東北大，[4] 九大

P-050 :　Exploring the advantages of polyploidy and autogamy after hybrid formation by evolutionary simulation of gene regulatory networks
遺伝子発現制御ネットワークの進化シミュレーションによる雑種形成時の多倍体化や自家受精開始の利点の探索
○大窪健児
総研大・統合進化

P-051 : Unraveling Nutrient Transfer in Dolichoderus Ants: Trophic Eggs and Implications for Pest Management Strategies

Tzu Chia Chen[1], Chung Chi Lin[2], ○Shu Ping Tseng[1]
[1]Department of Entomology, National Taiwan University, [2]Department of Biology, National Changhua University of Education

P-052 : Functional differentiation of the nervous system by self-organization with constraints

○渡部大志[1]，津田一郎[1,2]
[1] 中部大・AI 数理データサイエンスセンター，[2] 中部大・学創発

P-053 : Development of a method for analyzing genetic segregation using HRM analysis

HRM 解析を用いた遺伝子分離解析手法の開発

○大槻涼
駒澤大・総合教育

P-054Y : Molecular phylogenetic analysis and changes in morphology and luminescence intensity of Neanuridae (Collembora)

発光イボトビムシの形態と発光強度の変化，および分子系統解析

○加藤巧己[1]，大平敦子[2,3]，中森泰三[3]，川野敬介[4]，別所-上原学[1,5]
[1] 名古屋大・院理, [2] 多摩六都科学館, [3] 横国大・院環境情報 [4] 豊田ホタルの里ミュージアム, [5] 名古屋大・高等研究院

P-055Y : The relationship between host shift and speciation in the genus *Limnoria*

○杉田智哉[1]，朝川毅守[1]
[1] 千葉大・院理

P-056Y : Evolution of movement directions in crabs: restructuring the ancestral state from the behavioral traits of extant species

カニの移動方向はどのように進化したのか？：現生種情報を用いた祖先形質の復元

○谷口隼也[1]，井上翼[1]，黄榮富[2]，平井厚志[3]，水元惟暁[4]，竹下文雄[5]，河端雄毅[1]
[1] 長崎大・院水，[2] 国立高雄科技大，[3] エビとカニの水族館，[4]OIST，[5] 北九州市立博物館

P-057Y : DNA barcoding and genetic diversity in nudibranchs

ウミウシの DNA バーコーディングと遺伝的多様性

○大瀬竜之介[1]，朝川毅守[1]
[1] 千葉大・院理

P-058Y : Evolutionary history of the Japanese *Catapionus* weevil with remarkable variations in genome size

顕著なゲノムサイズ変異を示す日本産ヒョウタンゾウムシ属の進化史

○村上翔大[1]，Hsu Po-Wei[1]，木下豪太[2]，奥崎穣[3]，土畑重人[1]
[1] 東京大・総合文化，[2] 遺伝研，[3] 大阪公立大

P-059 : A Systematic Study on the *Rhopalomastix omotoensis* Terayama, 1996 (Hymenoptera: Formicidae) of Ryukyu Islands

○ Azumi Kudaka[1,2], Takumi Uchima[3], Alexandre C Ferreira[1], Miyuki Suenaga[1], Tadashi Yoshimura[3], Fu-Ya Chung[4], Kazuki Tsuji[5], Evan P. Economo[1]
[1]Biodiversity and Biocomplexity Unit, OIST, [2] 琉球大・院農, [3]Environmental Science and Informatics Section, OIST, [4]彰化師範大学, [5]琉球大・農

P-060 : Estimating the past admixture of Oryzias latipes species complex in East Asia
東アジアのメダカ種群における過去の交雑シナリオの推定

○藤本真悟[1], 小林大純[2], 青山洋昭[3], 村瀬偉紀[4], 八木光晴[5], 國島大河[6], 明正大純[7], 松波雅俊[1], 佐藤行人[1], 木村亮介[1]
[1]琉球大・医, [2]琉球大・院理, [3]琉球大・研基, [4]琉球大・熱セ, [5]長崎大・水産, [6]和歌山自然博, [7]静岡県立大・食品栄養

P-061Y : The influence of environmental conditions on diversity and extinction of early replicator
原始的な複製体の多様化と絶滅に環境が与える影響

○湯川香東[1], 吉山友明[2], 水内良[3], 市橋伯一[1,4,5]
[1]東大・総合文化, [2]阪大・院情報, [3]早大・理工, [4]東大・先進科学研究機構, [5]東大・生物普遍性研究機構

P-062Y : Experimental Evolution for Cold Tolerance and Cold Acclimation in *Drosophila albomicans*
アカショウジョウバエの低温耐性と低温順化に関する実験進化

○辻愛莉紗[1], 小川佳孝[1], 田村浩一郎[1, 2]
[1]都立大・院理, [2]都立大・生命情報セ

P-063Y : Impact of cold tolerance and metabolism on the distribution expansion of *Drosophila albomicans*
アカショウジョウバエの分布拡大における低温耐性と代謝の影響

○井手翼[1], 田村珠雲[1], 村井陸[1], 吉田拓充[1], 田村浩一郎[1,2]
[1]都立大・院理, [2]都立大・生命情報セ

P-064Y : Analysis of GroEL Functional Changes and Chaperonin Target Molecules in the Thermo- Adaptive Evolved Escherichia coli
大腸菌の高温適応進化における GroEL 機能変化とシャペロニンターゲット分子の解析

○外山弘恵[1], 松尾萌[1], 山内長承[2], 河野暢明[3], 岸本利彦[1]
[1]東邦大・院理・生物分子, [2]東邦大・理・情報, [3]慶大・先端生命研

P-065Y : Genetic diversity of neo-Y chromosomes generated by sex-chromosome nondisjunction in *Drosophila albomicans*
性染色体不分離を介したアカショウジョウバエのネオ Y 染色体の遺伝的多様性獲得の検証

○植田泰地[1], 小川佳孝[1], 田村浩一郎[1,2]
[1]都立大・院理・生命科学, [2]都立大・生命情報セ

P-066 :　Effects of complex formation on protein molecular evolution
タンパク質分子進化における複合体形成の効果
奥北爽太[1]，雨坂心人[1]，脇坂充敏[1]，平田あずみ[2]，田中俊一[1]，○高野和文[1]
[1] 京府大，[2] 大医薬大

P-067 :　Construction of a mini-RNA replicon in *Escherichia coli*
○柏木明子
弘前大・農生

P-068Y :　Species differences of group characteristics and its genetic and neural manipulation in *Drosophila*
ショウジョウバエ近縁種における群れの多様性とその遺伝・神経機構の解明
○野﨑友花，川嶋 宏彰，山ノ内勇斗，上川内あづさ，田中良弥
[1] 名大・理，[2] 兵庫県立大，[3] 名大・院理

P-069Y :　Color preference behavior and spectral sensitivity adaptation in the flower-breeding Drosophila
訪花性ショウジョウバエにおける色選択行動の獲得と網膜分光感度の適応
○桂宗広[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

P-070Y :　Quantification of Batesian and Mullerian mimicry using predator-like CNN
捕食者の反応を考慮した CNN によるベイツ型・ミュラー型擬態の定量化
○網野海[1]，平川翼[2]，矢後勝也[3]，松尾隆嗣[1]
[1] 東京大・院農，[2] 中部大・AI 数理データサイエンスセンター，[3] 東京大・総合研究博物館

P-071Y :　Ecological impacts of the evolution of a pleiotropic gene: insights from *TSH β2* in three-spined stickleback
イトヨにおける多機能性遺伝子の採餌行動への機能とその生態的効果
○Aldy Anindyawan Sutrisno[1], Asano Ishikawa[1]
[1] 東京大・院新領域・先端生命

P-072Y :　Molecular mechanisms underlying variation of environmental stress tolerance in sticklebacks
イトヨ近縁種における環境ストレス耐性の違いとその分子機構
○原田慧[1]，石川麻乃[1]
[1] 東京大・院新領域・先端生命・分子生態遺伝学分野

P-073Y :　Acquisition of intestinal protist-bacterial complexes in the common ancestor of termites and Cryptocercus cockroaches; the origin of subsociality
シロアリとキゴキブリの共通祖先における腸内原生生物-細菌複合共生系の獲得と亜社会性の起源
○丸岡直弥[1]，猪飼桂[1]，工藤凛平[1]，小野内思有[1]，大熊盛也[2]，本郷裕一[1,2]
[1]東工大・生命理工，[2]理研・BRC-JCM

P-074Y : Mechanisms of defecation inhibition of larvae of *Kulixalus eiffingeri* and its adaptive significance
ファイトテルマータに棲むアイフィンガーガエルの排便抑制機構とその適応的意義
○伊藤文[1], 岡田泰和[1]
[1] 都立大・院理

P-075Y : Absence of "menopause" in workers of a queenless ponerine ant *Diacamma cf. indicum*
トゲオオハリアリのワーカーに"閉経"はあるのか？
○岸野紘大[1], 岡田泰和[1]
[1] 都立大・院理

P-076Y : Vertebrate life history shows two types of phenotypic diversity in various levels of taxonomic rank
脊椎動物の生活史には分類階級によらない 2 種類の表現型多様性が存在する
○新垣大幸[1,2], 藤本仰一[2]
[1] 大阪大・院理, [2] 広島大・院理

P-077Y : Division of labor among subcastes of ants *Camponotus yamaokai* based on fat bodies
ヤマヨツボシオオアリのサブカースト間における労働分業及び脂肪体の比較
○川本高司[1], 岡田泰和[1]
[1] 都立大・院理

P-078Y : Detection of mutations involved in color ornamentation polymorphism in the guppy, *Poecilia reticulata*, by GWAS
GWAS によるグッピーの色彩装飾形質の多様性に関与する変異の検出
○川本麻祐子, 内田悠奈, 石井悠, 河田雅圭
東北大・院生命

P-079Y : Evolution of leaf venation architecture with climatic niche shift in angiosperm trees
樹木における気候ニッチの変化に伴う葉脈構造の進化
○佐々木陽依[1], 山尾僚[2]
[1] 京大・院理, [2] 京大・生態研センター

P-080Y : Outbreak of a tramp ant in the hybrid zone between endemic and exotic lineages
○Po-Wei Hsu[1], Jeffrey Sosa-Calvo[2], Shu-Ping Tseng[3], Seiki Yamane[4], Ted Schultz[2], Chung-Chi Lin[5], Shigeto Dobata[1], Chin-Cheng Scotty Yang[6]
[1]Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo, [2]National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, USA [3]Department of Entomology, National Taiwan University, Taiwan [4]Haruyama, [5]National Changhua University of Education, Taiwan [6]Virginia Polytechnic Institute and State University, USA

P-081 : Gene gain and loss involved in adaptive evolution to shaded forest or open habitat in *Anolis* lizards
アノールトカゲにおける森林内外への適応進化に関わる遺伝子の獲得と喪失
○金森駿介，河田雅圭
東北大・院・生命

P-082 : A novel function and transmission mode in gut symbiont of the Japanese queenless ant, *Diacamma* cf. *indicum*
○下地博之[1]，山下倫桜[2]，石塚優介[2]，仁科晏香里[2]，伊藤英臣[3]，松浦優[1]，菊池義智[3]
[1] 琉球大，[2] 関西学院大，[3] 産総研

P-083 : Placement of bait influence ant foraging activity
ベイトの配置パターンはアリの採餌活動に作用する（仮）
○加藤三歩[1]，東濃青児[2]，Aye Thanda Win[1]，鶴井香織[1]，佐藤行人[3]，立田晴記[4]，辻和希[1,2]
[1] 琉球大・農，[2] 鹿児島大・院連合農，[3] 琉球大・医，[4] 九州大・院理

P-084 : Escape strategies toward host in the parasitic ant cricket
アリヅカコオロギはどのように宿主アリを回避するか？
○田中良弥[1]，佐藤光彦[2]，上川内あづさ[1]，鈴木力憲[3]
[1] 名古屋大・院理，[2] かずさ DNA 研究所，[3] 東京都医学総合研究所

P-085 : Multi-species interaction study using a gall-forming weevil with a super–nested symbiotic system
マダラケシツブゾウムシ超入子型共生系を用いた多種生物間相互作用研究
杉本凌真[1]，鵜嶋涼[1]，佐野遥太[1]，別所-上原奏子[2]，○土`田努[1]
[1] 富山大・理，[2] 東北大・生命科学

P-086 : Quantifying genetic architecture of multilevel selection from genome-wide SNP data
ゲノムワイド SNP 情報から階層的自然選択の遺伝基盤を定量する
○土畑重人[1]，渡邊薫[2]，永野惇[3,4]
[1] 東京大・院総合文化，[2] 京都大・院農，[3] 龍谷大・農，[4] 慶應大・IAB

P-087Y : Exploring Host-Parasite Networks of Replicating RNA through Computational Simulations
コンピューターシミュレーションによる自己複製 RNA 分子からなるホスト・パラサイトネットワークの探索
○西田慧[1]， 姫岡優介[2]， 古澤力[1,2,3]
[1] 東大院・理，[2] 東大院・生物普遍性機構，[3] 理研・BDR

P-088Y : What is the dorsal fin of cetaceans? ~ Effects of the presence or absence and bending of dorsal fins on stability~
鯨類における背ビレとはなにか？～背ビレの有無や折れ曲がりが姿勢安定性に及ぼす影響評価～
○岡村太路[1]，前田将輝[2]，依田憲[1]
[1] 名古屋大・院環境，[2] 拓殖大・工

P-089 :　Dental microwear in a Devonian tetrapodomorph fish, *Eusthenopteron*

○Tai Kubo[1], Mugino O. Kubo[2], and Lauren Sallan[1]
[1] 沖縄科学技術大学院大・マクロエボリューション，[2] 東京大・新領域

P-090Y :　Searching plant factor that is defining a form of galls by image and mechanical analyzing

画像解析と力学解析による虫こぶ形態多様性を規定する植物側要因の探索

○高良力樹[1]，田村光平[2]，別所-上原奏子[3]
[1] 東北大・理・生物, [2] 東北大・東北アジア, [3] 東北大・院生命

P-091Y :　Exploration and functional analysis of genes involved in head dimorphism of horn-headed crickets

オカメコオロギ属における頭部変形遺伝子の探索および機能解析

○米田瑞穂[1]，大出高弘[1]
[1] 京都大・院農

P-092Y :　Attempt to modify the polka-dotted pattern of a Drosophila fruit fly using the Gal4/UAS system

ショウジョウバエの水玉模様を Gal4/UAS システムで改変する試み

○古関将斗[1]，越川滋行[1,2]
[1] 北海道大・環境科学，[2] 北海道大・地球環境科学

P-093Y :　Evolution of organ size control Hippo cascade unicellular holozoan *Creolimax*

単細胞ホロゾア *Creolimax* の Hippo カスケード解析から明らかにするサイズ制御機構の進化

○古谷寿浩[1]，山崎陽香[2]，宮平松尚[2]，甲斐隆哲[1]，井上茉美[2]，孫正寛[3]，林茂生先生[3]，菅裕[2]
[1] 県広大・院総合学術生命システム，[2] 県広大・生命環境，[3] 理研・多細胞システム形成研究センター

P-094Y :　Evidence from ascidians for the shared evolutionary origin of neural crest cells and neuromesodermal progenitors of vertebrates

神経堤細胞と神経中胚葉前駆細胞が単一の進化的起源をもつことを示唆するホヤ胚の神経板境界細胞

○石田祐，佐藤ゆたか
京大・院理

P-095Y :　Diversification of caudal fin ray branching in three-spined stickleback (*Gasterosteu aculeatus*)

イトヨ(*Gasterosteu aculeatus*)における尾びれ鰭条の分枝の多様化

○玉井滉基[1]，石川麻乃[1]
[1] 東京大・院新領域

P-096Y :　Functional analysis of *Capsaspora* laminin-like genes reveals the origin of basement membrane

単細胞ホロゾアカプサスポラのラミニン様遺伝子の機能解析から迫る基底膜の起源

○傳保聖太郎[1]，小野あおい[2]，福原光海[2]，黒木義人[3]，阿形清和[4]，松崎秀紀[5]，八木俊樹[5]，菅裕[5]
[1] 県広大・院総合学術・生命システム，[2] 県広大・生命環境・生命科学，[3] 総研大・生命科学・基礎生物，[4] 基生研，[5] 県広大・生物資源・生命科学

P-097Y : Contextualizing Motion Space of Ant Mandibles in an Evolutionary Framework

○Henry Cerbone, Julian Katzke, Evan P. Economo
Biodiversity and Biocomplexity Unit, OIST

P-098Y : Molecular basis of sea turtle flipper
ウミガメの鰭状肢をつくり出す分子基盤の探索

○佐藤大夢[1]，樋渡結衣[2]，奥山健太郎[3]，土岐田昌和[2]
[1] 東邦大・院理・生物， [2] 東邦大・理・生物， [3] 新潟大・院医歯学総合・組織学

P-099Y : Synovial joint development regulated by mechanical stress
力学的ストレスによる滑膜関節の発生の制御

○川原大和，岩重日奈子，平沢将大，湯玲子，河西通，田中幹子
東京工業大・生命理工

P-100Y : Gene expression analysis of β-glucosidase in the termite Zootermopsis nevadensis

○芦原流聖[1]，藤原克斗[1]，前川清人[2]
[1] 富山大・院理工，[2] 富山大・学術・理

P-101Y : An approach to elucidate the evolutionary process of synovial joints in vertebrates
付属肢の滑膜関節の進化プロセスの解明に迫る

○平沢将大，上原克也，湯玲子，河西通，田中幹子
東京工業大・生命理工

P-102Y : Development of motor neurons controlling movement of paired appendages
鰭や四肢の動きを制御する運動神経の進化

○吉岡優美[1]，高木亙[2]，兵藤晋[3]，田中幹子[4]
[1] 東京工業大・生命理工，[2] 東京大・大気海洋研究所，[3] 東京大・大気海洋研究所，[4] 東京工業大・生命理工

P-103Y : Evolution of neural circuits involved in the pheromone-information processing for species discrimination
同種と異種の識別に用いられるフェロモンの情報処理に関わる神経回路の進化

○伊東和貴[1]，望月香里[1]，前田直希[1]，上川内あづさ[1]，石川由希[1]
[1] 名古屋大・院理

P-104 : Molecular evolution of diaph genes and left-right evolution of gastropoda snails
diaph 遺伝子の分子進化と腹足綱巻貝の左右性進化について

○野田武志[1,2]，佐藤矩行[1]，浅見崇比呂[2]
[1] 沖縄科学技術大学院大・マリンゲノミクスユニット，[2] 信州大・理

P-105： Evolutionary and developmental implications of matrix proteins found in calcareous exoskeletons of molluscs and the annelid Spirobranchus kraussii

○宮本裕史
近畿大・生物理工

P-106： Formation of the penguin flipper

海中飛翔を可能にしたフリッパーの形成：ペンギンの進化発生学

○土岐田昌和[1]，山口秀真[1]，佐藤大夢[2]
[1]東邦大・理・生物，[2]東邦大・院理・生物

P-107： Symbiotic dynamics of obligate symbiotic bacteria *Stammera* in tortoise leaf beetle

カメノコハムシ類における必須共生細菌 *Stammera* の共生動態

○小口晃平[1]，春本敏之[2]，松浦優[3]，深津武馬[4]
[1]東大・院理，[2]京大・白眉，[3]琉球大・熱生圏，[4]産総研・生物プロセス

P-108： Are echinoderm embryos more evolutionarily derived than chordate embryos? – Let's distinguish "conservation" and "derivedness"

○ Jason Cheok Kuan Leong[1,2], Masahiro Uesaka[3,4], Echinoderm Genomes Sequencing Consortium, Naoki Irie[1,2,5]
[1]東大・生物科学専攻，[2](現)総研大・統合進化科学研究センター，[3]理研 BDR，[4](現)東北大・生命科学研究科，[5]東大・生物普遍性研究機構

日本進化学会第 25 回大会

要旨集

S01-01

Will the android ALTER be conscious?
アンドロイド ALTER は意識をもつか

○池上高志

東京大・総文

アンドロイドの ALTER は，圧搾空気で動く43軸のヒューマノイドで，2016年からの阪大の石黒浩と共同研究である。現在のALTER3は，両眼に Web camera を搭載し，各軸は100個のスパイクニューロンで駆動される。これ以外に，両目に映る人のポーズを模倣する，そのポーズを記憶し後に想起する，ランダムに記憶を想起しポーズする，などのプログラムを持っている。

最近この ALTER3を LLM(巨大言語モデル)とつなげることで，わたしたちが予め動作を設定しておかなくても，自発的に動作を自己組織化することを見出した。この理由は，LLM の学習する巨大なコーパスの背後に，特に chatGPT の場合には，人のかたちと仕草が埋め込まれているからだと考えられる。たとえば，紅茶を飲む，セルフィーを取る，ボクシングをする，というポーズを具体的に与えなくとも ALTER は実行できる。これらの ALTER+LLM の実験から，身体運動とつながった LLM に見出される人工の意識について議論する。

S01-02

Exploring Robotic Minds Using the Free Energy Principle

○谷淳

沖縄科学技術大学院大

The speaker has been conducting research to deepen understanding of the mechanisms of the human mind, proposing possible cognitive brain models, and evaluating these models through analyzing their operation in robot experiments. Using this method of understanding through robot structure theory, the speaker has particularly addressed issues such as how understanding of the world is learned from repeated experiences of actions, how social cognitive abilities, which allow for autonomous interactions with others while reading their minds, are acquired, and how subjective phenomena such as consciousness and free will can be explained. In this presentation, based on the aforementioned research motivations, the speaker will introduce some interesting results from the experimental research on cognitive neurorobotics operating on the free energy principle, which they have been working on for about the past decade.

S01-03

Dynamic brain and mind in which evolutionary dynamics are embedded
進化が埋め込まれた脳と心のダイナミクス

○津田一郎

中部大学・創発学術院

脳に現れる意識や人工の意識を考えるために，まず次の仮設を立てる。

Ansatz 0 心が脳を発達させる。

Ansatz 1 Ansatz 0は拘束条件付き自己組織化として変分的に定式化される。

具体的応用として，ニューロンやグリア細胞類似のダイナミクスを表す要素力学系の分化，視覚細胞，聴覚細胞などを表現する要素力学系の機能分化，ニューラルネットモジュールの分化とその計算能力を取り上げる。脳に現れる意識に対しては大脳新皮質だけでなく辺縁系の活動が重要である。辺縁系において先行的理解が形成され，志向性，気づきとその連鎖が駆動されるからである。そして意識生成にはカオス的遍歴が関係しているかもしれない。本講演では人工の意識とその進化を考えるための一つの切り口を提案する。

S01-04

Others-Origin of Mind
心の他者起源論

○岡ノ谷一夫

帝京大・先端総合研究機構

心の中核にあるのは，主観的な体験とその気づきである。心を扱う方法論は，現象学・心理学分野で洗練されてきたが，心の存在を前提としており（心の内発起源説），その形成過程は不問であった。本研究は「心は他者の行動を予測するコミュニケーションの道具としてまず発生し，その後自らの行動を体験・説明する内省的システムとなった」（心の他者起源説）という考えにもとづき心の起源を発達と進化から理解することをめざす。

S01-05

Absential relation in evolution

○郡司ペギオ幸夫

早稲田大・基幹理工

Absential relation in biological system is implemented by co-existence of positive and negative antinomy of two elements in dichotomy. Something outside of the system is taken into the absence in the system, and that entails evolution. It is reported that patients with spinal cord injury had vivid tactile sensation in their previously numb fingers, during synchronous stroking in the classical rubber hand illusion setup. As for the patients with spinal cord injury, it is impossible to match tactile with visual sensation. In that sense, the effort to match two different sensations entails positive antinomy. It results in brain's giving up matching two different sensations, and that implies denying two different sensations, and i.e., negative antinomy. It leads to the existence of absence between tactile and visual neural networks. Finally, emergent re-arrangement of neural networks rushes into the absence, and that realize vivid tactile sensation. This is not only process in ontogeny, but might be process in phylogeny. Since the type and token in biochemical reaction can be regarded as two elements in dichotomy, I implement the absential relation in biochemical reaction and show that the participants of reactions increase trapped by the absential relation.

S01-06

AI alignment and conscious supremacy

○茂木健一郎[1,2]

[1]ソニーコンピュータサイエンス研究所 [2]東京大・院広域科学

AI alignment is becoming increasingly important. The AI affect refers to the cognitive bias that tasks achieved by artificial intelligence systems are no longer regarded as unique to human cognition. Here I present a case where some aspects of consciousness are considered to be computationally unique. In analogy with quantum supremacy, I propose conscious supremacy as a concept describing computations unique to consciousness, as distinct from computability arguments. An intriguing question is whether implementation of artificial consciousness is necessary to achieve AI alignment. Problems related to the difficulty of alignment with AGI and ASI are discussed. Specifically, the Vingean uncertainty, together with the possibilities of instrumental convergence, are discussed within the context of embodiment and artificial consciousness. Finally, the linguistic turn inherent in Large Language Models are analyzed.

S02-01

Tackling genomic and chromosomal evolution through analysis of subtelomeric repetitive sequences
サブテロメア反復配列から迫るゲノム・染色体進化

○宇野 好宣

東大・院総合文化

これまで，種の進化や生物種固有の特徴獲得における研究では，主に遺伝子やエンハンサーなどのゲノム特異的配列が注目されてきた。しかし最近のシーケンス技術の発展により，セントロメアやサブテロメアなど，ゲノム中の複数箇所に存在する反復配列や，遺伝子発現を制御するトポロジカルドメイン (TAD) に関する研究が数多く報告された結果，全ゲノム重複 (WGD) やゲノム領域の部分的な重複 (SSD) など「パラロガスゲノム」の進化によって引き起こされる種間の染色体数や長さ，ゲノムサイズの違いも，種の進化などの重要な要素として再評価されつつある。そこで本研究では，これまであまり着目されてこなかったサブテロメアに増幅する反復配列に着目し，脊椎動物複数種間での比較解析を行うことで，種間や染色体間，さらにはサブゲノム間での違いと染色体の数や形との関係について考察を行う。さらに今後展開する予定であるアワビ類を用いた解析についても紹介する。

S02-02

Diversity of the NLR-like gene family in haplotype-phased genome assembly of the pearl oyster
アコヤガイのハプロタイプ別ゲノムアセンブリから明らかになった NLR 遺伝子ファミリーの多様性

○竹内猛

沖縄科技大

真珠養殖に用いられるアコヤガイ *Pinctada fucata* のゲノムには，数 Mb の範囲にわたりハプロタイプ間で遺伝子の配置が異なる領域，非シンテニー領域(non-syntenic regions, NSRs)が存在する。また，アコヤガイゲノムの NSRs には NLR(NOD and LRR または NOD-like receptor)に類似するタンパク質の遺伝子が大量にコードされている。NLR ファミリーのタンパク質は非自己由来の分子を認識し自然免疫系で働くことから，軟体動物の NLR 様タンパク質も生体防御に関わる分子であると推測されるが，その多様性や機能は明らかになっていない。本発表では，アコヤガイ及びゲノム情報が利用可能な軟体動物の NLR 様遺伝子ファミリーを，分子系統樹や機能ドメイン構造に基づいて分類し，遺伝子発現パターンから機能の多様化について考察する。

S02-03

Population paralogous genomics: speciation and adaptive evolution of Japanese abalone species
集団パラロガスゲノミクスで迫る日本産アワビ類の種分化と適応進化

○平瀬祥太朗

東大・水実

種分化や適応進化を駆動する遺伝基盤を探索する上で，集団ゲノミクス研究は重要な役割を果たしてきた。従来の集団ゲノミクス研究は，多標本から得られる一塩基多型（SNP）座のジェノタイピングデータを用い，集団間でアリル頻度が大きく異なり，変異が蓄積しているゲノム領域に着目することで種分化や適応進化に関与する候補遺伝子を探索する。一方，ゲノム中の遺伝子の数を変化させる遺伝子コピー数変異（GCNV）は，遺伝子発現量の変化や新規遺伝子を生み出し，進化の大きな原動力になっている可能性があるが，SNP 座をベースとした上記のストラテジーにおいて GCNV は考慮されていない。本研究は，種分化の初期段階にある種や，局所適応が生じている可能性のある種内集団を内包する日本産アワビ類を対象とし，集団間の GCNV を網羅的に検出する「集団パラロガスゲノミクス」解析を行い，それらの種分化や適応進化に関与した GCNV の探索を試みる。

S02-04

Paralogous genomics of the invasive red swamp crayfish adapted to cold environments
低温環境に適応した侵略種アメリカザリガニのパラロガスゲノミクス

佐藤大気[1]，松田優樹[2]，西川潮[3]，舟山亮[2]，中山啓子[2]，○牧野能士[2]

[1]千葉大，[2]東北大，[3]金沢大

北米南部を原産とするアメリカザリガニは世界中の様々な環境に侵入し，現在も生息範囲を広げている。近年，高温水性である本種が寒冷地である札幌の河川においても定着していることが報告された。しかし，低温環境での生存を可能にする本種の遺伝的基盤は分かっていない。本研究ではアメリカザリガニの低温適応に関わる遺伝子群の特定を目指し，研究を行った。札幌集団の低温耐性の高さを検証するため低温被曝実験を行ったところ，札幌集団は仙台集団より低温環境下での生存期間が長いことが分かった。次に，低温に曝した個体を用いて遺伝子発現量解析を行ったところ，低温に応答して特定の遺伝子群の発現量が変化することが分かった。比較ゲノム解析の結果から，これら低温応答性の遺伝子群は，進化過程において繰り返し遺伝子重複していることも明らかとなった。遺伝子重複を経て発現が増幅されることで，低温に対する耐性が高まった可能性が考えられる。

S03-01

The proposition of integrative bioarchaeology in the Japanese archipelago
日本列島域における統合生物考古学の提唱

○山田康弘

都立大・院人文科学

現在，縄文時代をはじめとする先史時代の考古学は，大きな曲がり角に来ている。それは，研究の進展によって，遺跡の調査によって得られる資料が多様化し，従来の分類・編年といった考古学的手法のみで過去の実像に迫ることが非常に難しくなってきていることからも明らかである。今後先史時代の研究が発展していくためには，考古学そのものが従来のような文系学問領域からシフトして，理化学的分析を併用する新たな学問領域へと生まれ変わらなければならない。そこで本シンポジウムでは，日本列島域において，特に人骨・動植物遺存体などの出土資料を主たる対象として，現在の考古学的方法に，理化学的分析手法を織り交ぜた総合的学問領域である integrative bioarchaeology の構築を提唱したい。

S03-02

Integrative bioarchaeology for understanding the diversity in the Ryukyu Archipelago
琉球列島の多様性の理解を目指した統合生物考古学

○松波雅俊[1]

[1]琉球大・院医

琉球列島に居住する人々は，言語的にも遺伝的にも大きな多様性を持つ。とくに遺伝学的には，本土日本人と琉球列島人の間には僅かであるが明確な違いがある。しかし，このような本土との違いや列島内の多様性が形成された進化過程については不明な点が多い。我々の研究グループは，沖縄特有のバイオバンクである沖縄バイオインフォメーションバンク事業の一環として，遺伝情報の収集とそれを用いた琉球列島人の詳細な集団遺伝解析を進めている。これまでに琉球列島各地から20,000検体を超える試料を収集し，10,000人以上の genotyping が完了している。これらを用いた解析から，これまでに琉球列島内の遺伝背景の違いや，宮古諸島の詳細な集団史，琉球列島人のゲノム上の自然選択を報告した。本講演では，これらの成果を紹介するとともに現在進めている古代ゲノムや言語データとの統合解析についてもあわせて紹介する。

S03-03

Evolution of commensal rodents after the range expansion associated with human migration
人類の移動に伴う小型げっ歯類の拡散と進化

○長田直樹

北海道大

人類の移動に伴い，多くの動植物が本来の生息域から離れた地域に移動した．なかでも，人類が作り出す環境に寄生する小型げっ歯類の多くが，先史時代から近世にかけて急速に拡散し，さまざまな環境に適応してきたと考えられている．ハツカネズミ（Mus musculus）やドブネズミ（Rattus norvegicus）は動物実験などにおいても広く用いられ，ゲノム解析が盛んにおこなわれる一方，拡散経路などその歴史については不明な点が多い．本講演では，野生ハツカネズミの日本列島域における亜種間の二次接触に着目し，二つの異なる亜種がどのように日本列島に渡来し，その混合過程でどのような自然選択が働いたかについての研究成果について，進化学的な視点からの紹介を行う．

S03-04

Does the increase in seed size during the Jomon period provide evidence of domestication?
縄文時代の種子大型化はドメスティケーションの証拠になるのか？

○那須浩郎

岡山理大・基盤教育

学術変革領域研究 A「統合生物考古学」の C03班では，縄文時代における植物のドメスティケーションの可能性について検討を進めている。これまで，日本列島は栽培植物の受容地であり，栽培植物の一次起源センターではないと考えられてきた。ところが近年の考古植物学の成果から，縄文時代早期（約10000年前）の遺跡からアズキ亜属やダイズ属，ヒエ属の種子がよく見つかるようになり，その種子サイズが縄文時代中期後半～後期（4500-4000年前頃）にかけて徐々に大型化していることが明らかになりつつある。これらの種子サイズの大型化現象がドメスティケーションの証拠になるのか，形態だけでなく遺伝学の証拠も併せて，検討を進めている。本講演では，縄文時代にアズキ，ダイズ，ヒエのドメスティケーションが起きていた可能性を，遺跡出土の種子サイズデータと野生種の栽培実験により得られた種子サイズデータから検討した例を紹介する。

S03-05

Azuki bean is a Japanese bean
アズキは日本のマメである

○内藤健

農研機構・資源研

アズキの栽培起源は日本なのか。近年の考古学的な試料からは，アズキの大粒化が中国や韓国よりも日本で先行していたことが示唆される。しかし種子の粒大は環境による影響を受けやすいため，それが人為選抜により遺伝的変異が固定したものであるとは言い切れないことが問題だった。そこで，我々はジーンバンクに保存される栽培アズキおよび祖先種であるヤブツルアズキの集団ゲノム解析を行い，世界各地の栽培アズキが単系統となるのか，そして単系統となるならばどの地域のヤブツルアズキから分化したのかを明らかにすることを目指した。また，種皮色や裂莢性など栽培化に重要な形質を支配する遺伝子座を GWAS によって同定し，その分岐年代を推定することも試みた。それらの結果をもとに，栽培化の歴史や経緯にまで踏み込んだ議論を展開してみたい。

S04-01

Nematodes as a model for biodiversity: speciation genetics in Pristionchus nematodes
多様性研究のための線虫 - プリスティオンクス属の種分化遺伝学を例に

○吉田恒太

遺伝研・生態遺伝

生物多様性の機構を解明するためには，その原因となる候補因子を多くの種や系統で実験的に調べる必要がある。しかし，一般性を得るまでの十分なタクソンサンプリングは通常難しく，多くの種や系統が得られたとしても，同じ実験室でそれらを扱うことはほとんどの場合，不可能である。私が扱っているプリスティオンクス属線虫は昆虫便乗性線虫であり，昆虫屍体に増殖する細菌を目当てに昆虫に付着している。この特性を利用して多くの系統が単離され，過去15年に50種以上の新種が報告されている。その内47種は常に凍結保存され，すぐに生体が実験利用可能である。私はこの線虫の中でも近縁な種群を使った種分化遺伝学により，染色体の構造進化の種分化における役割を明らかにした。さらに染色体解析を47種全てに行い，興味深い結果を得ている。プリスティオンクス属線虫は種分化研究をはじめとした次世代的な多様性研究のモデルになることが期待される。

S04-02

Molecular mechanisms of evolution of feeding habit of the predatory nematode *Pristionchus pacificus*

○井下結葵，千原崇裕，奥村美紗子

広島大・院統合生命科学

Genetic changes that cause the acquisition of novel feeding behavior are poorly understood, particularly empirically. Here, we utilized two genetic model nematode species, *Pristionchus pacificus* and *Caenorhabditis elegans* to understand how novel feeding behavior has been acquired. Both species are bacterivorous, while *P. pacificus* can also feed on other nematodes. The predatory feeding behavior and the tooth-like denticles, which are required for predatory killing, are evolutionary novel traits of *P. pacificus*. Previously, we showed that a neuromodulator serotonin and its receptors modulate tooth movement during predation, while other genetic factors critical for predation are largely unknown. We used a forward genetic screening system and found that *Ppa-nas-6* encoding an astacin metalloprotease is required for tooth movement during predation and tooth morphogenesis in *P. pacificus*. Importantly, the expression pattern of *nas-6* was different between *C. elegans* and *P. pacificus*. Rescue experiments in both species implicated that changes of *nas-6* expression patterns are required for the acquisition of predation in *P. pacificus*. As in *C. elegans*, *nas-6* is important for bacterial feeding, our results suggest that co-option of genes required for ancient feeding behavior plays important roles in acquiring novel feeding behavior.

S04-03

Bursaphelenchus okinawaensis: a genetically tractable system for the study of evo-devo and plant-parasitic nematodes
繁殖･食生･分散様式はどう進化するか？「沖縄」生まれの新規モデル線虫 Bursaphelnehcus okinawaensis

○新屋良治

明治大・農

線虫は昆虫と双璧をなすほど多様な動物だと考えられているが，一部の寄生線虫種や細菌食性のモデル線虫種を除いて，その生活史はあまり理解されていない。演者は，石垣島と西表島に生息する菌食性線虫 *Bursaphelenchus okinawaensis*（オキナワザイセンチュウ）を用いた遺伝学実験系を構築し，主に繁殖形質，食性，環境適応機構の多様性とその進化プロセスについて研究を行っている。例えば，線虫の性決定は，染色体による性決定機構が基本型であると長年考えられてきたが，オキナワザイセンチュウの性は遺伝的/環境依存的には決まっておらず，発生ノイズを主因として確率論的に性が決まることを近年明らかにした。また，線虫の交尾行動や媒介昆虫への便乗行動についても，既存のモデル線虫との比較を通じて，その多様性や進化プロセスを分子-神経レベルで明らかにしつつある。本講演では，オキナワザイセンチュウを中心に，線虫を用いた生物学研究や進化研究の現状や将来展望ついて話をしたい。

S04-04

Chromosome dynamics at the sex determination in the parasitic nematode *Strongyloides ratti*
寄生性線虫 Strongyloides ratti の性決定における染色体挙動

○鴻巣明日香[1,2], Simo Sun[2], 吉田朱美[3], 丸山治彦[1], Vicky Hunt[4], 杉本亜砂子[5], 菊地泰生[2]

[1]宮崎大・医・寄生虫，[2]東大・院・先端生命，[3]宮崎大・フロンティア・ゲノム解析，[4]Dep. Biol. Biochem., Bath Univ.，[5]東北大・院・生命科学

Stronglyloides ratti, a gastrointestinal parasitic nematodes of rats, has a unique lifecycle that include both parasitic and free-living generations. In the parasitic generation, only females live in a host intestine and produce eggs by mitotic parthenogenesis, which subsequently develop into either directly infective larvae (iL3) or sexually reproducing free-living adults (female and male). Although sex in *Strongyloides* is thought to be determined genetically like *C. elegans* (XX/XO), it remains unclear how males are produced by the parthenogenetic process. In this study, we used long-read sequencing and Hi-C and obtained a nearly complete genome assembly for *S. ratti*. Based on the assembly, we investigated chromosome dynamics throughout the life cycle of *S. ratti* using whole-genome sequencing of single worms, digital PCR, and multiplex-colored FISH. Our results suggest that chromatin depletion is likely to occur during early embryonic development. It may function as a key role of the sex determination in which chromatin diminution created a distinguishable amount of genomic material on the sex chromosome between two sexes.

S04-05

What can we learn from the comparative analysis of the model nematode *Caenorhabditis elegans* and its sister species *Caenorhabditis inopinata*？
モデル線虫 *Caenorhabditis elegans* とその姉妹種 *Caenorhabditis inopinata* との比較解析から何がわかるか

○杉本亜砂子

東北大・院生命

Caenorhabditis elegans は，1960年代にシドニー・ブレナーが研究対象として選択して以来，さまざまな生命現象の分子メカニズム解明で重要な役割を果たしてきたモデル生物である。最近，*C. elegans* の姉妹種 *C. inopinata* が石垣島のイチジク花嚢から発見された。興味深いことに，*C. inopinata* は他の *Caenorhabditis* 属線虫とは形態・生態が顕著に異なっている。高精度ゲノム解析から，*C. inopinata* ではトランスポゾンが大幅に増幅し転移が活性化されていることが示された。本講演では，性決定遺伝子経路の比較解析を中心に，*C. inopinata* におけるトランスポゾン増幅・転移活性化が遺伝子ネットワークのリワイヤリングを加速化している可能性について紹介する。さらに，モデル生物とその近縁種（サテライトモデル）の比較解析の有用性と今後の展望についても議論したい。

S05-01

Comprehensive study of regulation of transcription start site in response to environmental changes in plant.
環境変化に応じた植物の転写開始点制御の網羅的解明

○白井一正[1], 岡義人[2], 木村泉美[2], 塙満愉[3], 豊田隆藏[2], 岩瀬哲[4], 杉本慶子[4], 宮田和輝[5], 榊原均[5], 肥後あすか[6], 打田直行[6], 梅澤泰史[7], 野元美佳[6], 多田安臣[6], 保浦徳昇[8], 芦苅基行[8], 大久保祐里[9], 松林嘉克[9], 高橋宏二[9], 木下俊則[9], 児玉豊[10], 松下智直[2], 花田耕介[1]

[1]九工大・情報工, [2]京大・院理, [3]宇都宮大・農, [4]理研・CSRS, [5]名大・院生命農, [6]名大・遺伝子, [7]農工大・院・BASE, [8]名大・生物センター, [9]名大・院理, [10]宇都宮大・バイオセンター

植物は刻々と変化する環境に適応し生存する能力を獲得してきた。このような環境適応を可能にするには，環境に応じてプロテオームを多様化させることが重要である。先行研究において私たちは，植物がゲノムワイドに，転写開始点の制御によって一つの遺伝子から複数の異なる機能を持ったタンパク質が生み出し，これが光応答において極めて重要な役割を持つことを明らかにした。しかしながら，この転写開始点制御が持つ普遍的な生物学的意義は未だ明らかではない。そこで私たちは，異なる13条件でシロイヌナズナを生育し，環境変化による転写開始点制御の変化を網羅的に同定した。そして，転写開始点の変化によってコードするタンパク質配列が変化し，細胞内局在が変化する遺伝子の多くが，代謝酵素遺伝子であることを明らかにした。この結果は，植物が環境変化に応じて，転写開始点の制御によって代謝を動的に制御していることを示唆する。

S05-02

LHT1/MAC7 contributes to proper alternative splicing under long-term heat stress and mediates variation in the heat tolerance of Arabidopsis

○太治輝昭

[1]東京農大・バイオ

Natural genetic variation has facilitated the identification of genes underlying complex traits such as stress tolerances. We here evaluated the long-term (L-) heat tolerance of 174 *Arabidopsis thaliana* accessions and found a nearly ten-fold variation. To elucidate the mechanisms underlying the variation, we performed a chromosomal mapping using the F2 progeny of a cross between Ms-0 (a hyper-sensitive accession) and Col-0 (a tolerant accession) and found a single locus responsible for the difference in L-heat tolerance between them, which we named *Long-term Heat Tolerance 1* (*LHT1*). *LHT1* is identical to *MAC7*, which encodes a putative RNA helicase involved in mRNA splicing as a component of the MOS4 complex. We found one amino acid deletion in *LHT1* of Ms-0 that causes a loss of function. Arabidopsis mutants of other core components of the MOS4 complex also showed hyper-sensitivity to L-heat stress, suggesting that the MOS4 complex plays an important role in L-heat stress responses. L-heat stress induced mRNA processing related genes and compromised alternative splicing. Loss of *LHT1* function caused genome-wide detrimental splicing events, which are thought to produce non-functional mRNAs that include retained introns under L-heat stress. These findings suggest that maintaining proper alternative splicing under L-heat stress is important in the heat tolerance of *A. thaliana*.

S05-03

Altitudinal adaptive divergence of low temperature tolerance in Arabidopsis halleri

○吉田直史[1], 森長真一[2], 白井一正[3], 花田耕介[3], 彦坂幸毅[4]

[1]京大・生態, [2]帝京科学大・自然環境, [3]九工大・情報, [4]東北大・生命

Along altitudes, there are steep environmental gradient that serve different selective pressure to species. Species with broad distributions along altitude face different environments in each habitat and often acquire several phenotypic changes based on genetic polymorphisms as a result of local adaptation.
At Mt. Ibuki in central Japan, *Arabidopsis halleri* Subsp. *gemmifera*, a perennial evergreen herb, shows distinct morphological and physiological differentiations (ecotypes) between altitudes. Comparing key leaf traits between the altitudinal ecotypes, we found that highland ecotype is more tolerant to freezing temperature and to strong light stress under chilling temperature (photoinhibition) than lowland ecotype.
We further constructed an F2 population (highland × lowland ecotypes) and evaluated their traits. In F2 population, there was no significant correlation between all possible trait pairs constructed from freezing avoidance, photoinhibition tolerance and trichome density. This observation suggests that the maintenance of higher tolerance to photoinhibition and freezing, and higher trichome density in highland ecotype would be caused by selection at highland habitat.
We further employed genome-wide association study (GWAS) in F2 population and sought loci that associate with ecotypic polymorphisms in studied traits. Combining the GWAS result and genome data obtained from wild population at Mt. Ibuki, we narrowed candidate genetic variant.

S05-04

Phenome analysis focusing on small open reading frames found an Arabidopsis-specific emerged de novo gene enhancing drought tolerance.
フェノーム解析に基づいた de novo 遺伝子の探索

○武田智之[1], 中南健太郎[2], 金有王[1], 白井一正[1], 樋口(竹内)美恵子[2], 清水みなみ[2], 近藤隆之[1], 岡本正憲[2], 仁志蘭子[2], 関原明[2], 篠崎一雄[2], 松井南[2], 花田耕介[1]

[1]九州工業大・情報工, [2]理化学研究所 CSRS

種特異的に新しく誕生した遺伝子は，生物の進化に寄与し続けている。このような新規遺伝子の多くは，遺伝子重複によるものであると考えられてきた。しかし，近年のゲノム解析に基づいた遺伝子予測は，非コード領域の突然変異が，多数の完全に新しい遺伝子(*de novo* 遺伝子)を生み出していることを見出しつつある。*de novo* 遺伝子は，生物/非生物ストレス下で発現誘導される傾向にあり，それゆえ，これらの遺伝子は環境適応に寄与している可能性がある。一方で，これまで予測されてきた *de novo* 遺伝子の候補の殆どは，mRNA への転写やタンパク質への翻訳が明らかにされていないままである。

本研究では，*de novo* 遺伝子が，環境適応に寄与するタンパク質コード遺伝子として機能していることを明白にするために，シロイヌナズナの遺伝子間領域から推定された *de novo* 遺伝子の候補に着目して，発現の検証とその分子機能の決定を目指した。

S05-05

Independent gene selection for awnless phenotype during rice domestication in Asia and Africa.
アジアとアフリカにおけるイネ芒消失に関わる遺伝子選抜

○別所-上原奏子[1]

[1]東北大・生命科学

人為選択に基づく作物の栽培化は，農業上多数の有用な形質の作出に貢献してきた。芒（のぎ）は，イネ科植物の種子先端に見られる突起状の構造物で，動物の毛等に付着し種子散布に役立つほか草食動物による捕食から保護する役割を持つ。しかし，この形質は農業上の妨げとなるため，栽培化の過程で失う方向に選抜されてきた。イネはアジアとアフリカの二ヶ所で独立に栽培化されたが，これまでの多くの栽培化形質は「同じ遺伝子の異なる変異により達成された」ことが示されてきた。本研究では芒消失に関する原因遺伝子の同定に取り組み，アジアイネでは An-1/RAE1および RAE2という2つの遺伝子が，アフリカイネでは RAE3が選抜されたことを明らかにした。また，遺伝学的解析により RAE1と RAE2は独立かつ RAE3と協調して働いていることを明らかにした。これらの結果から二つの独立した地域で「それぞれ異なる遺伝子が選抜され，芒を失うという同一表現型が達成された」ことを示した。

S06-01

Molecular genetic mechanisms underlying convergent evolution of reproductive seasonality in sticklebacks
季節繁殖を制御する多機能性遺伝子とその収斂進化

○石川麻乃

東京大

ツバメが夏に巣を作り，サケが秋に産卵するように，生物の多くは特定の季節に繁殖し，種や集団ごとに独自の繁殖期を持つ。このような季節繁殖の多様化は，時に種分化の引き金となって，更なる形質の多様化を引き起こす。しかし，どのような遺伝子や遺伝的変異がこのような季節繁殖の多様化を引き起こすのかはほとんど分かっていない。そこで私たちは，多様な季節性生活史を持つトゲウオ科魚類イトヨ *Gasterosteus aculeatus* をモデルに，この問題に取り組んでいる。本発表では，トランスクリプトーム解析とゲノム編集，1細胞マルチオーム解析から発見したイトヨの季節繁殖を制御するマスター制御遺伝子である甲状腺刺激ホルモン TSHb2の多面的機能と，その日長応答性の収斂的喪失をもたらす分子遺伝基盤，さらに，その生態的機能の解析について紹介する。

S06-02

Deciphering the genetic basis of macroevolutionary traits in the light of convergent evolution
収斂進化で読み解くマクロ進化形質の遺伝基盤

○福島健児

ヴュルツブルク大

高次分類群を定義する革新的な形質はしばしば種内多型を欠くため，遺伝学的解析が困難であり，その成立過程には謎が多い。そして，食虫植物たちの進化はその典型例である。私は，モデル植物たちの扱いやすさを横目に羨みながら，食虫植物たちへ配られた数少ない（しかし意外と強力な）カードを頼りに研究を進めてきた。その一つが収斂進化である。これを「進化の反復実験」として扱うことで，種間多型としてのみ存在する形質であっても，遺伝型との統計的な結びつけが可能となる。このような解析を可能にするため，遺伝子の「収斂進化速度」を定量する新指標 ωC を考案した。これを適用し，数億年の分岐時間を隔てた食虫植物の各系統において，特定の代謝酵素の基質結合ポケットが収斂的に何度もリモデリングされている事例などを発見した。発表では，「種間差異」を積極的に活用すべき資源と据えた視点から，どのような研究が展開可能かを議論したい。

S06-03

Species comparison of whole-brain single-cell transcriptomes to explore the molecular mechanisms of behavioral evolution
行動進化の分子基盤を探るための全脳シングルセルトランスクリプトームの種間比較

○石川由希[1]，中村有紀子[1]，大橋拓朗[1]，山腰春奈[1]，重信秀治[2]，上川内あづさ[1]

[1]名古屋大・院理，[2]基礎生物学研究所

動物の行動は進化する。行動を司る脳はそのときどのように変化するのだろうか。脳のシングルセル（sc）トランスクリプトームの種間比較は，細胞ごとの遺伝子発現プロファイルの観点からこの問いに答える。これまで異なる目に属する種間における特定の脳領域の比較は行われてきたが，種分化してまもない近縁種間で全脳の scトランスクリプトームを比較する試みはされていない。約450万年前に種分化したキイロショウジョウバエとオナジショウジョウバエはよく似た形態や生態を示すが，求愛行動や配偶者選好性には種間差があり，行動的な生殖隔離を示す。このような2種において全脳 sc トランスクリプトームはどのように分化し，または保存されているのだろうか。

本講演では，公開データの再解析による細胞クラスタリングや2種の scトランスクリプトームのマッピングを経て，各細胞集団においてどのような種間差が検出されたのかに関する進捗を報告する。

S06-04

Seek of a new luminous animal possessing kleptoprotein
盗タンパク質をもつ発光生物の探索

○別所上原学

名古屋大・高等研究院（理）

生物が新たな機能を獲得するプロセスは，変異の積み重ね，すなわちゲノムの斬新的な変化により，新たな機能をもつ遺伝子が獲得される，というのが現在主流の考え方である。その例外的として，餌生物由来の機能を獲得する現象が，藻類から葉緑体を獲得し光合成するウミウシなどに代表される盗葉緑体などが挙げられる。演者は，魚類キンメモドキが，甲殻類ウミホタルから発光酵素ルシフェラーゼを取り込み利用する盗タンパク質現象を世界で初めて報告した。通常ならば消化・分解されてしまう餌由来のタンパク質が，特定の器官に貯蔵され機能を長期間保持される現象は，キンメモドキ以外には報告がない。では，他の生物でも盗タンパク質を持つものがいるのだろうか？

講演では，演者が専門とする発光生物に着目して，文献調査から絞り込んだ候補生物を紹介し，実際にそれらが盗タンパク質を持つのかどうかを調べている進捗を共有したい。

S07-01

Erebosis, a new cell death mechanism during homeostatic turnover of gut enterocytes

○Sa Kan Yoo

RIKEN

Many adult tissues are composed of differentiated cells and stem cells, each working in a coordinated manner to maintain tissue homeostasis during physiological cell turnover. Old differentiated cells are believed to typically die by apoptosis. Recently, we discovered a previously uncharacterized, new phenomenon, which we named erebosis based on the ancient Greek word erebos (complete darkness), in the gut enterocytes of adult Drosophila. Cells that undergo erebosis lose cytoskeleton, cell adhesion, organelles and fluorescent proteins, but accumulate Angiotensin-converting enzyme (Ance). Their nuclei become flat and occasionally difficult to detect. Erebotic cells do not have characteristic features of apoptosis, necrosis, or autophagic cell death. Inhibition of apoptosis prevents neither the gut cell turnover nor erebosis. We hypothesize that erebosis is a cell death mechanism for the enterocyte flux to mediate tissue homeostasis in the gut. We will present our recent progress towards mechanistic understanding of erebosis.

S07-02

Evolutional aspects of inflammasomes to induce pyroptosis in teleosts
硬骨魚類におけるパイロプトーシスを誘導するインフラマソームの進化的側面

○引間順一

宮崎大・農

細菌やウイルスの感染などによるインフラマソームの活性化は，プロ・カスパーゼ1やインターロイキン(IL)-1βなどのプロセッシングを誘導し，哺乳類ではガスダーミン(GSDM)D の切断を介して炎症性の制御性細胞死であるパイロトーシスを引き起こす。本細胞死により活性型 IL-1βなどの細胞内分子を外へ放出し，炎症応答を誘導することで病原体感染から宿主を防御する。しかし，進化的に古くに分岐した硬骨魚類におけるパイロトーシス誘導機構では，インフラマソーム構成分子やガスダーミンが哺乳類とは異なる分子によって機能していると考えられている。そこで我々は，メダカを用いてインフラマソーム構成分子の機能欠損個体を作出し，病原細菌感染後のパイロトーシスの誘導について検討してきた。本発表では，魚類と哺乳類のインフラマソーム構成分子およびガスダーミン遺伝子や構造の違いを概説し，これらの分子によるパイロトーシス誘導における役割について説明する。

S07-03

Increased Environmental Oxygen Availability in Amphibians Allows for the Emergence of Interdigital Cell Death
環境酸素がもたらす「指間細胞死」誕生の可能性

○小野沙桃実[1]，Ingrid Rosenburg Cordeiro[1]，岸田治[2]，越智陽城[3]，田中幹子[1]

[1]東京工業大・生命理工 [2]北海道大・FSC [3]山形大・医

爬虫類，鳥類，哺乳類を含む羊膜類では，四肢が形成される胚発生の時期に細胞死により指間組織が削り取られることで，分離した指が形成される。一方，両生類では，指と指間の成長速度の違いで指が分離する。

近年，私達のグループは，羊膜類の指間細胞死を制御する重要な因子として，「大気中の酸素」を見出した。驚くべきことに，環境酸素レベルの増加は，指間細胞死が起こらないとされてきた両生類においても，可塑的に細胞死を引き起こした。高濃度酸素環境下で飼育されたツメガエルの幼生や，陸上に産み付けられた卵内で直接発生するコキガエルの幼生，さらには水面へ頻繁に上がり空気呼吸を行うエゾアカガエルの幼生において，それぞれ指間組織でまばらな細胞死が観察された。

本講演では，両生類の多様な生活史によって高い酸化ストレスに晒された種が現れたことが，指間細胞死という新しい発生システムの誕生に繋がった可能性について議論したい。

S07-04

Unique regulation of cell death in long-lived cancer-resistant rodents.
長寿・がん耐性齧歯類におけるユニークな細胞死制御

○岡香織

熊本大・院生命

寿命の長さやがんをはじめとする病気へのかかりやすさは，種によって大きく異なる。我々は，寿命や疾患耐性の違いが生み出される仕組みを明らかにするため，マウスと同程度のサイズながら37年以上の長寿命と稀有な老化・がん化耐性をもつハダカデバネズミの研究を行っている。近年の解析の結果，ハダカデバネズミはネクロプトーシスと呼ばれる制御された細胞壊死のマスターレギュレーターが機能を失っており，発がん誘導時の炎症の減弱に寄与している可能性があること，また，加齢性疾患の促進に関わる老化細胞が種特有のメカニズムによって細胞死を起こす，生来的な老化細胞除去機構を持つことなど，ユニークな細胞死制御と抗老化・がん化の関連が明らかとなってきた。本発表では，こうしたハダカデバネズミの細胞死制御とともに，ハダカデバネズミの近縁種であり，20年以上の寿命を持つダマラランドデバネズミとの共通性・相違性についても議論したい。

S07-05

Evolutionary origin and conservation of the core molecular machinery for necroptosis
ネクロプトーシスの進化的起源と保存性について

○森脇健太

東邦大・医・生化学

細胞膜の破裂を特徴とするネクローシスは，アポトーシスと対比され，特定の分子に依存しない非制御性の細胞死と考えられてきたが，異なる誘導機構を持つ複数の制御性ネクローシスの存在が明らかになってきた。ネクロプトーシスは，RIPK3とMLKL という分子に依存する制御性ネクローシスと定義され，主にサイトカインや病原体成分などによって引き起こされる。これまでのヒトやマウスを対象にした研究から，ネクロプトーシスが感染防御に寄与していることや，非感染性炎症性疾患の病態の増悪に関与する事がわかってきている。一方で，生物はいつ RIPK3-MLKL 軸というネクロプトーシス誘導のコアマシーナリーを獲得したのかなど，ネクロプトーシスの進化的起源や保存性という根源的な問いについては不明な点が多く残されている。本シンポジウムでは，ネクロプトーシスについて概説するとともに，我々の最近の知見を交えて，その進化的起源と保存性についてお話ししたい。

S08-01

Database and software for evolutionary analysis in the era of large-scale data
大規模データ時代の進化解析データベース・ソフトウェア

○岩崎渉

東大・院新領域

私たちはこれまで，進化解析データベース・ソフトウェアとして，魚類のミトコンドリア DNA データプラットフォーム「MitoFish」，環境 DNA 解析プラットフォーム「MiFish Pipeline」，オルソログ遺伝子発見ソフトウェア「SonicParanoid」，ゲノム進化・生命システム進化予測ソフトウェア「Evodictor」，分子系統樹再構築手法「Graph Splitting」，比較ゲノムデータから統計的に有意な3項間関係を網羅的に取り出す手法「Logicome Profiler」，ゲノム進化過程の再構築手法「Mirage」，パレート進化理論の統計的検定手法「Flipping t-ratio Test」，系統的制約と擬似相関を解消した系統プロファイリング法「Inverse Potts Model for phylogenetic profiling」などを開発してきた。本講演では，これらについて幅広く紹介することで，「大規模データ時代のいま，どのような進化解析ソフトウェアが必要なのだろうか？」「国内・国際でどういった連携が可能だろうか？」を議論するきっかけとしたい。

S08-02

Annotation of VDJ genes in TCR loci on eutherian genome

○加藤和貴, Zhou Hao, Daron M. Standley

阪大・微研

真獣類の獲得免疫系において，T 細胞受容体遺伝子と免疫グロブリン遺伝子は，V(D)J 遺伝子再構成によって高度な多様性を生み出す。通常の遺伝子発見アルゴリズムによってこれらの遺伝子のゲノム上の位置を推定することは困難であり，手作業が必要である。この作業を自動化する既存のツールの性能は不充分であるため，ヒトとマウス以外でこの領域がアノテートされた生物種は少ない。このことは，これらの遺伝子のアノテーションに基づく進化学的議論を困難にしている。例えば，コウモリがゲノムレベルで他の真獣類の数倍の数の IG 遺伝子を持つため，他の真獣類に重大な疾病を引き起こすようなウイルスにも容易に対応できるという仮説 (Bratsch et al 2011; Schountz et al 2017) が提唱されているが，その根拠となり得るゲノム配列のアノテーションは困難であり，この議論は決着していない (Sirupurapu et al 2022)。LAST ローカルペアワイズアラインメントプログラム (Kielbasa et al 2011) を用いて異なる目の間の D 遺伝子や J 遺伝子を比較すると，閾値次第で弱い類似性が検出される。そこで，ヒトまたはマウスの T 細胞受容体遺伝子の配列をリファレンスとして用い，リファレンスとは別の種の既存のアノテーションとゲノム配列を教師データとした機械学習によって最適な閾値のセットを選択し，目的とする種のアノテーションを容易に行えるようにした。ほぼアラインメントのみに基づいて推定しても，既存の方法を少し上回る性能が得られた。組換えシグナル配列の位置を考慮することなどによって，さらに性能を向上させることを試みている。

S08-03

Decision-making in molecular phylogenetics: how can unwritten tips be disseminated?
教科書に書かれていない分子系統樹推定の手順を柔らかくガイドするには？

○工樂樹洋

国立遺伝研

分子系統樹を推定する動機は多様である。分け方は色々あるが，知りたいのは種の系統関係か，あるいは，遺伝子の系統関係か，という違いで分けてみる。前者の場合には，どういった遺伝子群を用いるかに多様なチョイスがあるせいで，結果の食い違いが往々にして議論の的となる。後者の場合には，調べたい遺伝子群の情報以外は基本的には使えないことが問題となりがちである。そこでシンテニー情報で補おう，となることが多いが，こういった判断を訓練する教材には出くわしたことはない。演者は，aLeaves（https://aleaves.riken.jp/aleaves/）という系統樹推定支援ツールを開発し，その機能の充実を図ってきたが，個々の遺伝子の系統関係を調べるに際，使用する配列を体系的に抜き差ししデータセットを吟味できるというこのツール独特の機能を求める潜在ユーザーに見出せてもらえているか疑問に感じている。本発表では，専門家以外の研究者が妥当な系統樹推定法に辿り着くためにどういったガイドが有効か，という話題を切り口に，分子系統樹にまつわる最近の話題，とくに種の系統関係の推定にシンテニー保存度の情報を利用すること（参照 Parey et al., Science 2023 および Schulz et al., Nature 2023）の妥当性などについて議論する。

S08-04

Development of phylogenetic analysis pipelines for continuously growing big data
大規模かつ日々増加するデータを利用する系統解析ワークフローの開発

○ニッタ ジョエル，岩崎渉

[1]千葉大・院国際，[2]東大・院新領域

系統解析などの大規模データ解析にあたって重要な問題となっているのは，その大きさだけでなく，日々データが蓄積されていくことである。一度データを解析しても，またすぐに新しいデータが蓄積されて，解析結果がすぐに古くなってしまう。この問題を解決するために必要なのは，大規模データを扱うことの出来るソフトのみならず，それらのソフトを組み込むパイプライン技術である。本発表では，常に更新可能なシダ植物の系統樹を作成する大規模データパイプラインを紹介する。このパイプラインは R プログラミング言語の targets パッケージを使うことによって，効率よくいつでも更新ができるようになっている。さらに，今後の展望として，ターゲットシーケンス技術の一つであるシーケンス・キャプチャーの「ゴミ」のデータから系統解析に有用な DNA 断片を拾うパイプラインも紹介する。本発表で紹介するシダ植物のパイプラインは，他の生物群においても効率的かつ更新可能なデータ解析パイプラインの構築の参考になると期待している。

S08-05

History of MEGA development and its limitations, and future perspective
MEGA 開発の歴史と限界，そして将来の展望

○田村浩一郎

都立大・院理

我々は1993年にMEGAの最初のバージョンをリリースし，現在ではバージョン11を公表している。最初のバージョンは，配列アライメントを入力し系統樹を推定して出力するだけのものだった。その後，インターネットの発展に伴ってwebブラウザ機能を搭載し，データベースから直接データを取り込むことが可能となり，さらに多重配列アライメントの機能も搭載し，データの入力から多重配列アライメント，系統樹推定まで，分子系統解析に必要な機能を全て搭載したソフトウェアスイートに進化した。しかし，MEGA は基本的に遺伝子単位の系統解析を行うように設計されており，ゲノムスケールで多数の遺伝子を同時に解析するようにするには限界がある。本講演では，MEGA の限界を開発者の立場から紹介し，ゲノム時代の新しい系統解析ソフトウェアに必要な機能について議論したい。

S09-01

Mammalian-unique face established through the reconstitution of the topography of facial primordia
顔面原基の組み替えで生じた，哺乳類の新規な顔

○東山大毅[1]

[1]東大・医

哺乳類は口から独立し能動的に動かせる鼻を獲得したことで他の脊椎動物と一線を画す。こうした顔は如何にして生じたのだろうか。我々は哺乳類独特の顔が，顎口類が咽頭胚後期に共通して持つ発生モジュールである顔面原基の組み方を大幅に変更することによって生じたことを示した。これは四肢動物の顔面発生の形態的比較や Dlx1-CreERT2マウスを用いた上顎原基の系譜追跡実験，さらに化石記録を用いた古生物学的分析から導き出された結論である。一方で，スッポンやワニ類のように，突出した鼻や，口と独立した鼻腔を持つような特異な顔を持つ双弓類であっても，どうやら哺乳類のような発生過程は起こらず，祖先的に制約された顔面原基の組み方を踏襲しているらしい。では何が哺乳類顔の進化を導いたのか，あるいは逆に哺乳類以外において顔面突起の位置関係を一定に保った機構は何か。これらはいまだに不明であり，さらなる研究が必要である。

S09-02

The origin of insect wings: evolution of the pioneering developmental field for morphological diversification
昆虫の翅進化から探る形態多様化の新機軸成立への道筋

○大出高弘

京大・院農

3.5億から4億年前頃，昆虫は新奇な翅の獲得により空へと進出した。この翅の獲得以降，翅自体やその系列相同物の多様化は，昆虫の多彩な形態を生み出す一つの新機軸となってきた。昆虫の系統におけるこの形態多様化の新機軸はいかにして成立し得たのだろうか。この新機軸成立の鍵は，翅を獲得する以前の祖先無翅昆虫から有翅昆虫への移行過程にあることは明白であるが，その道筋は未だ謎に包まれている。本研究では，現生無翅昆虫のマダラシミと，有翅昆虫の中でも祖先的な発生様式を示すフタホシコオロギの発生の比較から，無翅から有翅への移行を可能とした発生進化機構の解明を目指している。本講演では，両種の比較から浮かび上がってきた発生過程の共通性と異質性について，さらに翅の進化をもたらしたゲノム配列の探索アプローチについて紹介することで，形態進化の新機軸成立の道筋について議論する。

S09-03

Symmetry polymorphism in Cnidarian organ arrangements
刺胞動物の器官配置に現れる対称性の多型

○ Sarper Safiye E.[1], Nakanishi Tamami[1], Kitazawa Miho[2], Kuratani Shigeru[1], Fujimoto Koichi[3]

[1]理研 BDR，[2]大阪大・全学教育推進機構，[3]広島大・院統合生命科学

動物の対称性はボディープランの基礎をなし，器官配置に現れる最も基本的な形質である。動物は単純な放射相称の動物から複雑な左右相称の動物に進化したと考えられてきたが，近年では放射相称動物を含む刺胞動物門と左右対称動物の共通祖先にはすでに左右相称性があったと示唆された。しかし，対称性が多様化する（左右・放射，放射間）機構はいまだに解明されていない。我々は対称性の多型が現れる種を解析することで対称性が多様化する機構が発見できると考え，刺胞動物門に注目した。その結果，タテジマイソギンチャク（1）とタマウミヒドラ（2）の器官配置に対称性の多型を見出した。
（1）タテジマイソギンチャクの胃袋配置に放射相称と左右相称個体の混在を発見した。タテジマイソギンチャクは主に欠片化による無性生殖で増え，その欠片からの再生過程で器官の再配置を行う。この再配置の機構が発生プログラムに転用され対称性多様化の起源となった可能性がある。そこで，本研究では，再生過程での器官配置ルール及び分子メカニズムを提案した。（2）タマウミヒドラの触手配置に3－4－5放射相称個体の混在を発見した。その後，触手配置の定量的解析を通し個体の類別を行い，多様な放射相称個体を作る触手配置機構を予測した。

S09-04

Developmental system drift of blastomere specification mechanism in spiralian development
らせん卵割型発生の割球特異化機構に見られる発生システム浮動

○守野孔明[1]，佐藤啓輔[2]，和田洋[1]

[1]筑波大・生命環境系 [2]筑波大・院理工情報生命

発生の出力は変わらないがそれに至る発生プロセスが変わることを発生システム浮動 (DSD) という。らせん卵割動物 (軟体・環形動物等) が示すらせん卵割型発生の特徴として，初期発生期における各割球群の発生運命の保存性が挙げられる。しかし，割球運命を特異化する機構が保存されているかは不明であった。発表者らは，トランスクリプトーム及び機能解析により，割球運命の特異化に関わるであろう転写因子群を軟体動物腹足類のクサイロアオガイにおいて多数同定した。一方で，それらの転写因子群の多くが他の軟体・環形・扁形動物の種では発現パターンが異なる，もしくは発現していない/存在していないことが明らかになった。このことは，らせん卵割型発生の割球運命の保存性に反して，その特異化機構には大規模な DSD が起きていることを示唆する。最後に，新機軸を生む形態進化と DSD の関連についても議論したい。

S09-05

Towards Unveiling the Mysteries of Problematica with the Aid of 3D Data
3D データで挑むプロブレマティカの謎

○三上智之[1]，池田貴史[2]，村宮悠介[3]，平沢達矢[4]，岩崎渉[4]

[1]国立科学博物館・地学研究部，[2]京都産業大学，[3]深田地質研究所，[4]東大・院理

地球上で見つかる様々な化石の中には，現生生物とは大きく異なるボディプランを持ち，系統学的位置が未解明なものが含まれており，これらはプロブレマティカと呼ばれる。本発表では，長い眼柄と，歯のような構造を持つ顎状の器官が特徴的な，奇妙な形をしたプロブレマティカであるタリーモンスターに注目する。近年，タリーモンスターがヤツメウナギに近い脊椎動物だという説が提唱された。この説の根拠として，タリーモンスターが脊索・鰓孔・筋節・他の脊椎動物に類似した脳・鰭を支える構造・円口類に類似した角質歯など，脊椎動物を特徴づける解剖学的構造を持っているように見えることが挙げられていた。しかし，3D スキャナーと X 線 μCT を用いて，タリーモンスターの形態学的特徴を調べた結果，脊椎動物説の根拠の多くが否定され，タリーモンスターは脊椎動物ではないことが示唆された。本発表では，その他のプロブレマティカについても議論したい。

S10-01

Microbial motility determines symbiosis
共生を決める微生物のうごき

○菊池義智

産総研・生物プロセス

病原細菌や共生細菌が宿主の感染部位や共生器官に到達するために，「うごき」は極めて重要な役割を果たすと考えられている。しかし，実際にどのような「うごき」が病原性や共生の成立において重要なのであろうか？ホソヘリカメムシは *Caballeronia* 属細菌を土壌中から取り込み，消化管の後端に発達する盲嚢に共生させている。土壌中には数10万種もの細菌が生息しているが，このカメムシは消化管に発達する狭窄部によって *Caballeronia* の選別を行う。この狭窄部は，直径数μm の管状構造をしており，その内腔は粘液で満たされているが，面白いことに，この狭窄部を突破するために，共生細菌はべん毛をその体に巻き付け，あたかもドリルのようなに狭窄部内を突き進むことが分かってきた。本講演では，両者の共生成立において宿主昆虫と共生細菌それぞれにどのような進化が起こってきたのかについて紹介し，共生進化に果たす細菌の動きの重要性について議論する。

S10-02

Behavioral exhibition of bacteria
細菌の行動展示

○中根大介

電通大・院情報理工

近年，動物園では行動展示が人気を博している。動物たちの自然な行動を再現するための環境が設定され，来訪者たちがそれを観察する。同様のアプローチは細菌でも可能だろうか？細菌というマイクロスケールの生命体に関する研究は伝統的に化学環境の変化への応答が調べられてきた。しかし，真核細胞で見られるように力学に対する応答は十分に理解されているとは言えない。本研究では，水の流れや空間的な制約といった自然環境中に偏在する物理的な刺激を実験室環境で構築し，そこで細菌がどのように行動するかを観察した結果を報告する。べん毛というらせん繊維を体に巻き付けて運動する様子や，IV 型線毛と呼ばれる伸縮する糸を自在につかって流れに逆らって動く様子を動画で紹介し，これらのユニークな運動がどのように発達したのかを議論する。

S10-03

Look into the photo-response of Volvox
ボルボックスの光応答をのぞき込む

○村山能宏

農工大・院工

ボルボックスは池や沼地に生息する緑藻の一種であり，直径数百マイクロメートルの個体表面上にある数千個の体細胞には，動力源となる2本の鞭毛と光を感知する1つの眼点が備わっている。ボルボックスは，「暗から明の照度変化に対し鞭毛を一時停止させる」という体細胞の単純な動作により，個体の走光性を実現している。我々は個体の走光性が相対的な照度差（照度差/合計照度）によって決まることを発見し，その仕組みについて調べてきた。照度を系統的に変化させ，暗から明の照度変化に対する鞭毛の停止確率を調べた結果，体細胞は，1．照度差に対して反応する差動型センサー，2．照度差の大きさに対して順応できる順応型センサーとしての機能を持ち，これらの性能は後方の細胞になるほど低下することが見えてきた。これらの結果を踏まえ，ボルボックスの走光性のしくみを物理的視点から紹介するとともに，体細胞の役割分担という観点からも議論したい。

S10-04

Swimming Motility Mechanism of Helical Bacteria Revealed by Reconstruction in a Minimal Bacterium
ミニマル細菌における再構築により明らかにするらせん細菌の遊泳運動メカニズム

○木山花[1]，柿澤茂行[2]，高橋大地[1]，宮田真人[1]，[3]

[1]大阪公大・院理，[2]産総研・生物プロセス，[3]大阪公大・複合先端

らせん細菌スピロプラズマは細胞のらせんの向きを交互に反転させることで遊泳する。スピロプラズマの運動には5種類の細菌アクチン MreB (MreB1-5) が関わっている。私たちはこれらのうち MreB4と MreB5の2種類を発現させることでミニマル細菌(JCVI-syn3B)にらせん形態と遊泳運動を再現することに成功した。本年は2種の MreB による遊泳メカニズムとその獲得過程を調べるため，様々な変異を導入した MreB4および MreB5を発現したミニマル細菌の挙動を解析した。その結果，膜結合領域である MreB5の C 末端領域がらせん形成ならびに遊泳に重要であることがわかった。また，MreB4と MreB5の ATPase 活性が右巻きから左巻きへの反転に重要であることが示唆された。以上の結果に基づいて，スピロプラズマ遊泳運動の最新のメカニズムについて議論する。

S10-05

Evolution of a flange in the Campylobacterota flagellar motor

○Eli J. Cohen

Imperial College London, Department of Life Sciences

Although the flagella of the model organisms Escherichia coli and Salmonella enterica are distributed around the cell body, many bacteria instead place their flagella at their poles. This widespread form of flagellar motility is relatively poorly understood, but these polar flagellar motors invariably feature periplasmic disk structures of unknown function. The flagellar motor of Campylobacter jejuni features a 100 nm-wide periplasmic disk (a.k.a. the basal disk) associated with scaffolding a wider ring of motor proteins to increase torque. The diameter of the basal disk, however, is excessive for a role solely in scaffolding motor proteins.
In this talk, I will provide evidence that the basal disk in C. jejuni is a flange that braces the motor during disentanglement of the flagellar filament from interactions with the cell body and other filaments, interactions that are otherwise important for host colonization. Our results reveal an entanglement of co-dependencies in the evolution of flagellar motor structure and cell plan in the Campylobacterota.

S11-01

The Paradox of Predictability
大進化予測のパラドックス

○坪井助仁

ルンド大・理

急激な環境変化が生物の分布や個体群動態に与える影響が顕在化する今，進化予測に関する研究はめざましい進展を見せている。しかし，数百万年以上の時間スケールで起きる進化パターン（大進化）を現生の個体群で見られる進化プロセス（小進化）から予測できるのかは，膨大な議論と研究成果があるにも関わらず今でも研究者で意見が二分している。本講演では大進化パターンの予測可能性について進化能（evolvability）・淘汰（selection）・発生（development）の切り口から迫ったイトトンボ亜目の翅脈形態を用いた実証研究を紹介する。機械学習に基づく技術で収集したビッグデータの分析から，1億年にわたる翅脈進化は予測できること，進化能・淘汰・発生3つの階層から大進化が予測できることを統一的に説明する原理は存在しないことの2点が明らかとなった。なぜ1億年の進化が予測可能なのか？会場ではこの『大進化予測のパラドックス』について企画者・演者・参加者と議論を深めたい。

S11-02

Similarity of the patterns of phenotypic variations among different biological scale and the prediction of micro and macroevolution
異なるレベルでみられる表現型変異パターンの類似性と進化の方向性の予測

○斉藤京太[1・2]，坪井助仁[3]，高橋佑磨[4]

[1]千葉大・院・融，[2]理研・多階層生命動態研究チーム，[3]ルンド大・理，[4]千葉大・院・理

地球上には多様な生物が存在する。この多様な生物が「どのように進化してきたのか？」，「今後，どのように進化するのか？」という疑問は，進化生物学における中心的なテーマである。生物の形態は，遺伝子や生育環境，発生ゆらぎなど，さまざまなレベルの要因によってばらつく。このなかで，遺伝的な表現型変異のパターンは，小進化の方向性を偏らせていることが広く知られているが，大進化の方向性をも偏らせているかは未だに議論が絶えない。また，生育環境の違いや発生ゆらぎによる表現型変異パターンと進化の方向性との間の関係もわかっていない。本講演では，ショウジョウバエ属昆虫の翅形態に着目し，発生ノイズや表現型可塑性，遺伝的変異，小進化，大進化などの異なるレベルでの表現型変異を定量・比較し，変異の程度や方向性が異なるレベル間で相関することを示した研究例を紹介する。これらの成果をもとに，進化の予測可能性について議論する。

S11-03

Measuring the Evolvability of Developmental Systems in Vertebrates
脊椎動物発生システムの進化しやすさ・しにくさを測る

○内田唯[1]，重信秀治[2]，武田洋幸[3]，古澤力[1,4]，入江直樹[5]

[1]理研 BDR, [2]基生研, [3]京都産業大, [4]東大・院理, [5]総研大

動物の集団が示す表現型は，自然選択や集団遺伝学的効果の影響に加え，胚発生という生物内在的な仕組みからもバイアスを受ける。従って発生段階や遺伝子発現量の多様化しやすさ・しにくさを定量的に評価することは生物の表現型進化を予測する上で重要な観点となる。

演者はメダカを用いて発生システムの進化的保存性を決める性質の探索・定量に取り組んできた。これまでに，全胚由来の遺伝子発現パターンの解析から，発生段階や遺伝子発現量の進化的保存性と相関を示す性質として，同じ遺伝・環境条件でも生じる偶発的なばらつきの生じにくさ（安定性）を報告している。演者はさらにメダカ地域集団の掛け合わせ実験で，祖先での安定性が子孫での保存性と対応することを見出した。また安定性の基盤を探索するため，細胞ごとの発現量・組織の細胞種構成のばらつきやすさを定量し，RNA-seq データとの対応を調べた。会場では進化しやすさの理解に向けた議論をしたい。

S11-04

Predicting gene gain/loss evolution based on repeating long-term evolution
長期進化の繰り返しパターンから未来の遺伝子獲得・欠失進化を予測する

○今野直輝[1], 岩崎渉[1,2]

[1]東大・院理, [2]東大・院新領域

地球上の生命は共通祖先から長い時間をかけて多様化してきたが，その未来の進化を予測することはできるだろうか？近年，実験進化などによって繰り返し生じる塩基配列レベルの進化のパターンを元に予測可能性の議論が進んでいるが，より大規模なゲノム変化を伴う長期進化のパターンから進化の予測する方法論は確立されてこなかった。演者はこれまでに数千から数万種のバクテリアのゲノム情報を用い，過去の進化から未来の遺伝子獲得・欠失進化を予測する手法 Evodictor を構築してきた。Evodictor は系統比較法と機械学習を組み合わせることで「どの遺伝子を前もって持っている/いないと，どの遺伝子を獲得/欠失しやすいのか」を学習できる。本発表では，Evodictor を用いることで薬剤耐性遺伝子の水平伝播による進化を予測できることを示し，さらになぜ予測が可能なのか検証するための wet 実験の結果を紹介する。本発表を通じて，何が進化の予測可能性をもたらすのか議論したい。

S11-05

Experimental evolution of primitive life-like systems: for understanding the origins of life
原始生命モデルの実験進化で観測不能な生命の起源に迫る

○水内良

[1]早稲田大・理工, [2]JST・創発

原始生命は約40億年前に RNA などの単純な分子の自己複製体として誕生した後，どのように複雑な生命へと進化したのだろうか？この観測不能な原始生命進化，ひいては生命の起源を理解するため，私たちは原始生命のモデルとなる分子の複製システムを試験管内で構築し，それを実験的に進化させ，ありえた進化の道筋を直接的に調べている。本発表では特に，タンパク質や微小区画を利用して自己複製する RNA の実験進化について紹介したい。例えば近年，この RNA を約600世代にわたり進化させたところ，5種類の異なる性質をもつ RNA に分化し，それらが互いに複製し合う複雑なシステムへと進化した。また複製の他に代謝を担う RNA を導入し，それら2種類の RNA を共進化させたところ，複製も代謝も可能な一本の長い RNA が出現した。会場では，このように単純な分子の複製システムを進化させて徐々に複雑化していく過程－生命の起源にありえた進化を「予測」する試みについて議論したい。

S12-01

Remembering Dr. Masatoshi Nei
根井正利先生を偲ぶ

○斎藤成也

国立遺伝学研究所

今年92歳で逝去された根井正利先生は，テキサス大学の大学院における指導教授だった。根井先生をしのんで，いくつかのエピソードを紹介したい。

S12-02

Genetic distance and human evolution
遺伝距離と人類進化

○高畑尚之

総合研究大学院大

Nei の遺伝距離は，遺伝子頻度の情報から集団間や種間の近縁関係を明らかにする尺度である。ここでは遺伝距離を現生人類に応用した結果を現在の知見と比較し，先生の功績の一部を振り返る。

S12-03

Genetics and Genomics of Orphan Crops and their perspectives
孤児作物のゲノム遺伝学およびその展望

○大田竜也[1], Fawcett Jeffrey A.[2], 竹島亮馬[3], 菊池真司[4], 大迫敬義[5], 白澤健太[6], 法月美悠[4], 松井勝弘[3], 矢崎裕規[7], 小木曽映里[8], 藤井健一郎[3], 原尚資[9], Jones Martin K.[10], 平川英樹[6], Li Cheng-Yun[11], 安井康夫[12]

[1]総研大・統合進化科学研究センター, [2]理研・数理創造プログラム, [3]農研機構・作物研究部門, [4]千葉大・院園芸学, [5]京都府大・院生命環境, [6]かずさDNA研究所, [7]農研機構・高度分析研究センター, [8]科博・分子生物多様性研究資料センター, [9]農研機構・北海道農研, [10]ケンブリッジ大, [11]雲南農業大, [12]京大・院農

多くの栽培植物でゲノム研究が進められている現在，イネ・コムギ・トウモロコシなどの主要作物だけでなく限定された地域で栽培される孤児作物の研究も進んでいる。我々はその一つであるソバの全ゲノムを解読し進化遺伝学的な解析を実施した。その結果，(1)フツウソバ *Fagopyrum esculemtum*（および近縁種 *F. homotropicum*）とダッタンソバ *F. tataricum* の遺伝的分化（ゲノムサイズやセントロメア）への転移因子の関与，(2)ソバ属進化系統における2回の全ゲノム重複，(3)異形花型自家不和合性における *S-ELF3*遺伝子の花の形態と自家不和合性の制御，(4)栽培型フツウソバ（ssp. *esculemtum*）のチベット南東部の野生型ソバ（ssp. *ancestral*）由来などを示した。これらのデータに基づいたソバ育種への展望なども簡単に紹介する。

S12-04

Estimation of evolutionary distances and molecular clock
進化距離の推定と分子時計

○田村浩一郎

都立大・院理

私が PennState の根井研究室に居たのは1991年から1993年の2年間だった。その間 PennState では，1991に Mark Stoneking のグループが135人の D-loop 配列の系統樹を Science 誌に公表し，人類の祖先はアフリカにあるという「アフリカ起源説」を支持した。ミトコンドリア・イブという言葉が生まれたこの論文から，いくつかの新たな問題が生まれた。その中の一つがチンパンジーを外群にして分子時計を適用し，ミトコンドリア・イブの年代を推定することだった。私は D-loop の複雑な塩基置換パターンを考慮して塩基置換数を推定するため TN93モデルを考案し，ミトコンドリア・イブの年代はおよそ16万年前であるという「アフリカ起源説」を支持する結果を得た。以来，塩基置換数推定のための方法論の開発を継続的に行い，行き着いたのは進化速度が変化する場合でも適用可能な分岐年代推定法の RelTime だった。本講演では，これら一連の方法論の開発過程を紹介したい。

S12-05

Effect of different types of sequence data on palaeognath phylogeny

○竹崎直子

香川大・医

Palaeognathae consists of five groups of extant species: flighted tinamous (1) and four flightless groups: kiwi (2), cassowaries and emu (3), rheas (4), and ostriches (5). Molecular studies supported the groupings of extinct moas with tinamous and elephant birds with kiwi, and, ostriches as the group that diverged first among the five groups. However, phylogenetic relationships among the five groups are still controversial. Using noncoding nonexonic elements, introns, and ultraconserved elements together with protein-coding loci, this study investigated the factors that affected gene tree estimation error and the relationships among the five groups. Using closely related ostrich rather than chicken as the outgroup, rheas was supported as the group that diverged first among groups (1)-(4). While gene tree estimation error increased using loci with low sequence divergence and short length, topological bias in estimated trees occurred using loci with high sequence divergence and/or nucleotide composition bias and heterogeneity, which more occurred in trees estimated from coding loci than non-coding loci. Regarding the relationships of (1)-(4), the site patterns by parsimony criterion appeared less susceptible to the bias than tree construction assuming stationary time-homogenous model and suggested the clustering of kiwi and cassowaries and emu the most likely with ~40% support.

S12-06

Classification of caliciviruses
カリシウイルスの分類

○鈴木善幸

名古屋市立大・院理

ノロウイルスやサポウイルスといったカリシウイルスのゲノムでは，構造タンパク質と非構造タンパク質のコード領域の間に組換えホットスポットが存在する。そのためこれらのウイルスでは，組換えホットスポットの上流と下流が独立に分類されている。本講演では，上流と下流の分類を統合する方法について議論する。

S12-07

Birth-and-death evolution and olfactory receptor genes
birth-and-death evolution と嗅覚受容体遺伝子

○新村芳人

宮崎大・農

演者は2002年から2004年まで，わずか2年間だったが，ペンシルバニア州立大学の根井先生の研究室でポスドクを努めた。そのとき，遺伝子ファミリーの進化パターンに興味をもっていた根井先生から頂いたテーマが，「嗅覚受容体遺伝子の進化」だった。当時はようやくヒトゲノムの全貌が明らかになってきた時代で，ヒトが約400個の嗅覚受容体機能遺伝子と，さらに多くの偽遺伝子をもつことを初めて示した。やがてゲノム情報革命が起き，解析すべきゲノムデータはいつになっても尽きず，いつしか20年もの歳月が過ぎた。匂いそのものに興味があったわけではないのに，一般向けの嗅覚の本まで書いてしまった。発展性のありそうな研究対象を見つけ出す根井先生の「嗅覚」がいかに素晴らしいかを示している。そんな演者は今，根井先生が70年前に卒業された宮崎大学農学部で教鞭を執っている。

S12-08

Revisiting Dr. Nei's thought on Y chromosome evolution and future directions on the study of sex chromosome evolution
Y 染色体進化に関する根井先生の考えと今後の性染色体進化研究

○野澤昌文[1,2]

[1]都立大・院理，[2]都立大・生命情報研究センター

私がポスドクとしてペンシルバニア州立大学の Nei lab に在籍していた2006～2011年，根井先生は様々な多重遺伝子族の進化に関する研究を進められていた。私もその一端として嗅覚受容体遺伝子や miRNA 遺伝子の進化について研究を行った。一連の研究は遺伝子発現制御の進化を研究する面白さを認識するきっかけとなり，現在の研究テーマである「性染色体の進化」や「miRNA-標的遺伝子ペアの進化」につながっている。本発表では，これらの経緯に触れるとともに，現在注力している「多様なショウジョウバエを用いた性染色体の進化」について紹介する。根井先生は性染色体の進化，特に Y 染色体の退化に関しても多くの業績を残されているのでその一端も紹介したい。独自の研究テーマを模索して辿り着いた先が，50年以上前の根井先生の研究テーマの一端に過ぎないという発表者の不甲斐なさと根井先生の巨大さを感じていただければ幸いである。

S12-09

Reconstructing phylogenetic tree reconstruction methods
系統樹再構築法を再構築する

○三澤計治[1,2]

[1]横浜市大・医，[2]理研

近隣結合法(NJ 法)と非加重結合法(UPGMA 法)，最大節約法(ML 法)，最尤法(ML 法)，ベイズ法の共通点を探る。

S13-01

Intraspecific flowering time variation and adaptive evolution in Japanese Lotus japonicus
日本におけるミヤコグサの開花時期多型と適応進化

○若林智美

奈良先端大・バイオ

日本列島に広く分布するミヤコグサは，種内に産地の緯度に沿った開花時期多型を有する。植物にとって開花時期は適応度に関わる重要な形質であり，本研究ではこの多型を環境適応の指標として，関連する環境要因と遺伝的要因の両面から本種の環境適応機構を明らかにすることを目的とした。
まず，国内野生系統を用いて複数条件下で得られた開花時期多型データを比較したところ，本種の開花時期は，栄養成長量や産地の緯度に応じた限界日長によって制御されている可能性が考えられた。次に，全ゲノム関連解析を行い，開花時期に関連する複数の遺伝領域を検出した。特に *AKT2*や *GF14*の相同遺伝子は，ゲノム編集技術を用いて本種においても開花時期決定に貢献することが実験的に確認された。さらに，国内野生系統のゲノム情報を用いて算出されたゲノム網羅的な Tajima's *D* や塩基多様度の値に基づき，これらの遺伝子領域が受けてきた自然選択の影響についても報告する。

S13-02

Comparative analysis of the gut microbiome and faecal condition of Nara sika deer before and after the COVID-19 pandemic.
奈良のシカを対象にしたCOVID-19感染拡大前後の腸内マイクロバイオームおよび糞性状の比較解析

○明石涼

北大・院生命

奈良のシカは奈良公園に生息するニホンジカであり，国内外からの多くの観光客が奈良のシカと観察や物理的接触，鹿せんべいの給餌を通じて相互作用している。しかし，新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の拡大に伴い，奈良公園を訪れる観光客も大幅に減少し，奈良のシカにも影響が及ぶと考えた。非侵襲試料である糞便を用いて，COVID-19感染拡大前後の糞性状および腸内マイクロバイオームを比較することで，人間活動の変化が奈良のシカの腸内環境にもたらした影響を調査した。腸内マイクロバイオームは糞便 DNA から16SrRNA部分領域(V3-V4)を網羅解読し決定した。糞性状は粒状，塊状，下痢状に類型化した。結果，感染拡大後に有意に粒状便が増え，その細菌構成は塊状および下痢状と異なった。人間活動の変化に伴う奈良のシカの腸内環境の変化は，シカの生理・健康状態に影響を与え，さらには糞を利用する生物にも影響を及ぼすと考えられる。その研究の展望についても報告する。

S13-03

The relationship between the phylogeny in the family Lucanidae and the larval evolution of food and habitat
クワガタムシ科における系統と幼虫の食性進化の関係

○三島達也

九大院・比文

クワガタムシは甲虫目クワガタムシ科に属する昆虫であり，その成虫は樹液を，幼虫は朽ち木（腐朽材）をそれぞれ主な餌資源としている。腐朽材には腐り方(腐朽型：褐色腐朽，軟腐朽，白色腐朽)の違いから褐色腐朽材，軟腐朽材，白色腐朽材の3タイプが存在する。系統学的に祖先的なクワガタムシのグループは主に褐色腐朽材や軟腐朽材食性であるのに対し派生的なグループは主に白色腐朽材食性である。クワガタムシは属レベルで特定の腐朽型に対して選好性を示すことが多い。また飼育実験から褐色腐朽材選好性の種の幼虫は白色腐朽材を与えるとうまく成長できずに死んでしまうが，白色腐朽材選好性の種の幼虫は褐色腐朽材も利用可能であることも知られている。クワガタムシの腐朽材に対する選好性は生息材に対する分解・代謝能力や共生菌の違いが関係していると考えられる。本講演ではクワガタムシの系統と腐朽型の選好要因を含めた食性進化について議論したい。

S13-04

The Genetic Basis of Structural Color Variations Explored in the Komatsugaoka Population of *Phelotrupes auratus*
オオセンチコガネの小松ヶ丘集団から探る構造色の遺伝的基盤

○中谷優介

九州大・院システム生命科学

昆虫には様々な体色の種が存在するが，日本列島に広く分布するオオセンチコガネは顕著な構造色の多型を持つことが知られている。このような構造色を制御する分子メカニズムは明らかにされておらず，原因遺伝子座の特定は昆虫が多様な体色を獲得してきた進化プロセスの理解に繋がると期待されている。しかし，オオセンチコガネは累代飼育が難しく，交配実験ができないため，遺伝解析には多様な体色を持つ野外集団が良い材料となる。一方で，オオセンチコガネの体色は生息地域と強く関連し，遺伝的な集団構造が野外集団を用いた解析の障壁となっていた。そこで，演者らは局所的に構造色の多型が見られる小集団をターゲットとし，赤と緑の個体が共に観察される宮崎県串間市都井岬の小松ヶ丘集団を用いた研究を開始した。本発表では，小松ヶ丘集団の遺伝的な特性を中心に，非モデル生物のゲノムや野外集団を用いた遺伝解析の方法について報告する。

S14-01

Experimental reconstruction of the evolutionary pathway between ancient beta-barrel proteins

○八木創太

早大・人科

Many proteins that underlie the central dogma possess small beta-barrel structures with different folds, exemplified by DPBB conserved in DNA and RNA polymerases, as well as RIFT, OB, and SH3 conserved in ribosomal proteins. These beta-barrel structures were assumed to be the most ancient components of the central dogma machinery. In a previous study, we reconstructed the ancestral DPBB protein using a homo-dimeric peptide comprised of only seven amino acid types. Recently, we found that this simplified peptide not only adopts the DPBB fold but also a novel beta-barrel fold, named DZBB, as a metamorphic protein. The DZBB fold is not found in any natural protein, although its structure has a high similarity to the RIFT and OB folds. Remarkably, we successfully converted the DZBB fold to the RIFT and OB folds through a few mutations. Moreover, by a simple circular permutation, the reconstructed OB protein could be converted into the SH3 fold. These experiments on fold conversion imply that the four extant small beta-barrels, DPBB, RIFT, OB, and SH3 folds, evolved from a common ancestral protein through the intermediary fold, DZBB.

S14-02

Reconstruction of catalytically active ancestral protein variants using a reduced set of amino acids

○赤沼哲史

早大・人科

Assuming the RNA World hypothesis, the next question is the transition from the RNA World to the RNA-Protein World. The establishment of the RNP World necessitates the emergence of a translation system that links RNA and proteins. Here, we aim to understand how the translation system using the 20 standard amino acids found in present-day organisms was established in early evolution. Many hypotheses proposed that the early proteins comprised fewer than 20 amino acids. For this purpose, we examine the possibility of a reduced set of amino acids in the early translation system by comprehensively reducing the amino acid usage in a reconstructed ancestral protein. We have successfully reconstructed a variant of nucleoside diphosphate kinase (NDK), which maintains catalytic activity despite the magnitude of the activity being low compared to modern NDKs, using only 11 amino acid types. This reveals that a protein with phosphate transfer catalytic activity can be synthesized with a minimal set of at least 11 amino acids. Moreover, most of these 11 amino acids correspond to those suggested to have been relatively abundant in the early Earth environment, as indicated by chemical and geochemical studies.

S14-03

Indels: The Evolutionary Switches Bridging Protein Functions and Topologies

○Paola Laurino

Okinawa Inst. of Sci. & Tech. Graduate Univ.

The emergence of proteins from small peptides is a critical event in the origin of life. Through a process of selection and evolution, early peptides underwent mutations that altered their amino acid sequences, resulting in changes to their structures and functions. Our recent study focused on the impact of insertions and deletions (InDels) on the coenzyme binding pocket in Rossmann enzymes. We observed that InDels facilitated the switch of a redox coenzyme (NAD) to a methylating coenzyme (SAM), indicating how minor sequence changes in early peptides may have bridged different chemical functionalities.
Expanding on these findings, we explored how InDels could modify protein topological connections. We demonstrated that a beta-alpha-beta motif can serve as a template for switching between the p-loop topology and the Rossmann ones, and vice versa. These seemingly unrelated domains may have been connected in early peptides before assuming their current globular states. Our preliminary results provide insights into the mechanisms driving protein evolution and the development of complex protein structures, offering valuable understanding of the molecular foundations of life.
The use of InDels represents a powerful tool for unraveling the mysteries surrounding the origins of life and the underlying processes. We present our findings as a contribution to the understanding of protein evolution's history and propose InDels as a promising method for further exploration in this field.

S14-04

De novo design of new protein folds and heterooligomeric proteins by intuitive and simple methods
直感的でシンプルな設計手法による新規タンパク質フォールドとヘテロオリゴマータンパク質の de novo デザイン

○Naoya Kobayashi[1]

[1]NAIST・Mater. Sci.

We developed intuitive and simple methods for designing protein folds and homo/heterooligomeric proteins. Utilizing these methods, new protein folds that have never existed in nature before and various homo/heterooligomeric proteins combining different monomeric proteins were modeled. Amino acid sequences were designed into the modeled structures by AI-based sequence design programs. The designed proteins were well expressed as soluble proteins in *E. coli*. SEC-MALS and CD analyses of the purified proteins indicated that the designed proteins formed thermostable structures with desired numbers of associations in solution. We have succeeded in obtaining the X-ray crystal structures of two of the designed proteins, which were in good agreement with the predicted structure. De novo protein design is now accessible to everyone through AI-supported methods, making it easy to create new proteins that evolution has not explored. The protein structure/sequence space we now can access is greatly expanded.

S14-05

Green underwater world: the coevolution of light-harvesting system of cyanobacteria and underwater light environment
緑の窓の仮説：シアノバクテリアの集光システムと水中の光環境の共進化

○伊藤久美子[1,2], 松尾太郎[1,2], 星野洋輔[3], 菅野里美[2], 藤井悠里[4], 辻梨緒[1], 藤本和宏[5], 宮下英明[4]

[1]名古屋大・院理, [2]名古屋大・高等研究院, [3]GFZ German Research Centre for Geosciences, [4]京都大・院人間・環境学, [5]名古屋大・ITbM

Cyanobacteria evolved the oxygenic photosynthesis for the first time, induced the first great oxidation event around 2.4 billion years ago, leading to the diversity of biological evolution. Cyanobacteria harvests light by a unique antenna, phycobilisome which binds bilin pigments and absorbs the light energy at complementary wavelength to chlorophyll. Phycobilisome is a huge and high-cost antenna, and in green plants, it was replaced to simple antennae, LHC which binds chlorophylls. While the light-harvesting system by phycobilisome would provide the selective advantages for the ancestral cyanobacteria inhabiting the primitive Earth, the reason why cyanobacteria developed phycobilisome has been less discussed. In this study, focusing on the environment in the reduced water environment when ancestral cyanobacteria evolved, we discuss the origin and evolution of phycobilisome. We propose the co-evolution of the ‘light window’ in the water on the primitive Earth and the light-harvesting antennae. We discuss our hypothesis based on the results from the biological experiments about natural selection under the ‘light window’, the phylogenic analysis, and the computational chemistry.

01B-01

Evolution of the ant stinger

○A. Casadei-Ferreira, E.P. Economo

沖縄科学技術大学院大（OIST）

Within Aculeata, the ovipositor has undergone significant transformation from a structure used for placing eggs inside soft tissues to a sharp and stiff stinger exclusively used as an offensive and defensive tool. However, several aspects of stinger evolution and its morphological transitions are poorly understood, such as the sequence of gradual changes and intermediate stages. In this project, we are employing an integrative approach combining descriptive and quantitative morphology using micro-computed tomography (microCT) and comparative phylogenetic methods to shed light on how evolution shaped the morphological transitions of the stinger. To test our hypotheses, we obtained microCT scans of 62 ant genera, representing 15 of the 16 extant subfamilies. Our preliminary results indicate that closely related species frequently concentrate more variation associated with a few sclerites, whereas changes among genera and subfamilies are more extensive. Moreover, variations related to muscle reduction and modifications in their origins and insertions were observed. Finally, we identified trends related to reduction versus muscle size increase, which likely contributes to the stinger piercing capability. We expect our results to provide a solid foundation for understanding the morphological evolution of ants, offering valuable insights into shape variation within an evolutionary context.

01B-02

antscan - a comprehensive open access database for 3D ant anatomy
antscan - アリ解剖学のための包括的なオープンアクセスデータベース

○Julian Katzke[1], Francisco Hita Garcia[1,2], Fumika Azuma[1], Philipp D. Lösel[3,4], Tomáš Faragó[5], Thomas van de Kamp[5], Evan P. Economo[1]

[1]OIST, [2]Museum für Naturkunde Berlin, [3]Heidelberg University, [4]Australian National University, [5]Karlsruhe Institute of Technology

In the big data era, the study of organismal form has been slower to benefit from advances in imaging and computation. X-ray microtomography can bridge gaps as it can digitize anatomy of whole organisms in high resolution without destroying the imaged specimen. However, low throughput in microtomography usually limits the scope in documenting diversity. The antscan project now provides a freely accessible database for 3D ant anatomy based on serial synchrotron X-ray microtomography. Fast imaging with a sample-changing robot enabled us to overcome the imaging bottleneck to focus on sampling and material. The database consists of ~2200 scanned ants from ~900 species with each scan acquired in a minute. We assembled specimens with collection material to broadly cover the ant phylogeny with a global geographic scope. As we acquired scans with standardized parameters, this facilitates automated analysis and free access to data can broaden the audience and incentivize further methods development. Lastly, we used computer vision techniques to automatically process raw scans towards more user-friendliness. This represents the first open, comprehensive library of 3D anatomy for a diverse animal clade to herald a new era of studies on the evolution, structure, and function of organismal phenotypes based on high-throughput imaging.

01B-03

Revisiting the Goldschmidt's systemic mutation model: discussions based on the experimental restoration of inversion-driven color pattern evolution in the harlequin ladybug
Goldshchmidt の Systemic mutation model 再考：ナミテントウの逆位が引き起こす表現型進化の復元実験に基づく考察

○安藤俊哉[1,2], 松岡佑児[2]

[1]京都大・白眉センター, [2]自然科学研究機構・基生研

hopeful monster（発生に影響する変異 Macromutation を生じた変異体）の出現により種が生じるという Goldschmidt の跳躍的進化理論はネオダーウィニズムの成立当初ほとんど無視されたが，Hox 等の発生制御遺伝子への変異により生じる進化様式の発見によって再評価された。一方，染色体レベルの大きな構造を遺伝子の単位とした大規模な変異（Systemic mutation）によっても種が生じるという Goldschmidt のもう一つの説は，Morgan の遺伝子説の否定とも捉えられ，ほとんど支持を得ていない。本発表では，ナミテントウの斑紋多型遺伝子座で数十~数百万年前に生じた染色体逆位を復元する実験系で得られた結果に基づき，安定的な遺伝子発現に重要な「染色体の３次元構造単位」と Goldschmidt の Systemic mutation model との関わりについて再考する。

01B-04

How did the muscles evolve in metazoan: A conserved T-box transcription factor-mediating muscle differentiation in Ctenophora.
動物の筋肉は進化上どのように生じたのか：クシクラゲ T-box 転写因子による筋分化制御にみられる保存性

○毛利蔵人，三宅みなと，渡邉寛

沖縄科学技術大学院大・進化神経生物学ユニット

有櫛動物(クシクラゲ)は，神経や筋肉を持つ多細胞動物の中で最も初期に分岐した現生系統である。そのため，クシクラゲが持つ神経や筋肉分化の分子機構が明らかとなれば，これらの組織の進化過程の再構築に必要な祖先的特徴を考える上で大きなヒントとなる。そこで本研究では，クシクラゲの筋細胞分化に働く転写因子の探索を目的に遺伝子発現データベースの解析を行い，左右相称動物で心筋などの分化に機能する T-box 転写因子1(Tbx1)がクシクラゲの筋組織で高発現していることを発見した。さらに，クシクラゲの一種カブトクラゲを用いて，Tbx1ノックダウンによる機能解析を行ったところ，Tbx1の発現が抑制された幼生では，体壁筋の筋繊維やその前駆体と考えられる細胞の数が顕著に減少した。これらの知見は，カブトクラゲにおいて Tbx1が筋細胞分化を制御していることを示すと同時に，Tbx1による転写制御が多細胞動物の筋細胞分化において祖先的な機構であることを示唆する。

01B-05

Evolution and change of the human dentition
ヒト歯列の進化と変化

○松島正和

神田歯科医院，日本歯科大学生命歯学部保存学講座

脊椎動物は、魚類から始まり両生類、爬虫類、哺乳類へと進み、ついにヒト(ホモサピエンス)に進化した。
近年の豊かな社会環境に裏付けられた衣食住の改善,特に栄養状態の改善は,日本人の身長,体重などの体格において目覚ましい向上をもたらしたとされている。この体格の変化同様に,咀嚼機能つかさどる歯,顎骨においても何らかの変化が生じている可能性があると思われる。しかしながら、西暦2023年ヒトロ腔機能においては進化の断片は特段みとめられず様々な退化傾向が散見される。ヒトの特徴として道具を使い火を使う。その結果食品は柔らかくなり、咀嚼運動は減少傾向を示している。骨には機能圧が加わらず歯列不正や食事を飲み込む嚥下機能が十分に発達しないまま成長する若者が増加傾向にある事が示されている。
上記の特徴的な傾向を示す研究を紐解き、この事実を退化器官の兆候の過程として捉え、現代日本人歯列形態の特徴を巨視的観点から考察したい。

01B-06

Molecular phylogenetic and genetic structure analysis of Ensifera cricket species
コオロギ種群の分子系統および遺伝構造解析

○里村和浩[1]，小倉淳[1]

[1]長浜バイオ・バイオサイエンス

現在，地球規模の気候変動や人口増加による食糧不足を回避するため，新たな食糧資源の開発が求められている。昆虫は，タンパク質が豊富に含まれ，二酸化炭素排出量が少なく，容易に増殖するため，次世代の重要な食糧資源候補として注目されている。本研究では，食用昆虫としてコオロギに着目し，その育種や家畜化のポテンシャルを分子系統学および集団遺伝学的に検討した。直翅目はバッタ亜目とコオロギが属するキリギリス亜目に分かれ，キリギリス亜目昆虫は食性や生態が多様であるため，人類側のニーズに適した種を選びやすい。我々は，キリギリス亜目昆虫を日本全国から約80種，180地点，900系統以上を収集した。その中で，日本産のキリギリス亜目昆虫85種について，共通遺伝子を使用して分子系統樹を推定した。さらに種毎に形態データや集団構造を解析することで，キリギリス亜目昆虫の種の多様性と分子進化について調査した。

01B-07

Genetic diversity of wild emmer wheat in natural populations in southern Turkey and attempts to conserve it through the development of quasi-natural populations
トルコ南部の野生エンマーコムギの自然集団における遺伝的多様性と疑似自然集団の作成による保全の試み

○Naoki Mori[1], Takako Shizuka[1], Shotaro Takenaka[2], Kenichi Tanno[3], Hakan Ozkan[4] , Shoji Ohta[5]

[1]Grad. Sch. Agric. Sci., Kobe Univ., [2]Fac. Agric., Ryukoku Univ., [3]Fac. Litl., Ryukoku Univ., [4]Fac. Agric., Univ. Cukurova, Turkey, [5]Prof. emeritus, Fukui Pref. Univ.

For more than a decade, the authors have been analyzing the genetic diversity of wild emmer wheat in natural populations in southern Turkey. The individual plants were randomly sampled from each of the 31 populations in the region, and their genetic diversity of 24 microsatellite loci in the chloroplast genome was examined. As a result, 49 haplotypes were identified, most of which were specific to each population and exhibited a high level of mean diversity (H=0.315). Phylogenetic analysis showed that the haplotypes were divided into two haplogroups, I and II, with clear genetic differentiation between them, but these two groups were geographically intermixed. These results indicate a high level of genetic diversity exists in the natural populations of the region. Due to the importance of wild emmer wheat as a genetic resource, we are attempting to create pseudo-natural populations to simulate and preserve the diversity of these natural populations. However, due to the COVID-19 pandemic and a devastating earthquake in the region, the project has been interrupted. In this report, we will present the current progress and problem of these efforts.

01B-08

Ancient genome analyses of dogs from the Epi-Jomon and the Okhotsk periods in the Japan archipelago
北海道における続縄文時代とオホーツク文化期のイヌの古代ゲノム解析

○寺井洋平[1]，本郷一美[1]，加藤博文[2]，佐藤孝雄[3]

[1]総合研究大学院大・統合進化科学研究センター， [2]北海道大・アイヌ・先住民研究センター ，[3]慶應義塾大・文学部

北海道の続縄文時代(紀元前3世紀～紀元6世紀)とオホーツク文化期(紀元5世紀～9世紀)の層からは多くのイヌの骨が出土している。しかし，これらのイヌの起源などについて，これまでほとんどわかっていなかった。そのため，本研究では礼文島の続縄文時代からオホーツク文化期の層から出土した3頭のイヌを用いて古代ゲノム解析を行った(平均カバー率2.3x, 8.0x, 12.1x)。これまでのゲノム研究によりイヌはユーラシア大陸の東西の系統とソリイヌ系統の3つに大別されると報告されている。本研究の3個体のイヌは東ユーラシア系統であり，また日本列島の古いイヌの系統と高い遺伝的親和性を示した。これらのイヌのゲノム構成は日本列島の古い系統とソリイヌ系統のゲノムがそれぞれ約60％と40％であった。このゲノム組成は，同時期のヒトのゲノム組成と関連しており，人類の移動がイヌのゲノム組成に影響を与えたことが示唆された。

01C-01

Differences in degree of specificity and selectivity among the three symbiotic partners of the lichen *Cladonia vulcani* Savicz.
地衣類イオウゴケにおける三者共生系パートナーの普遍性と可変性

○河野美恵子[1]，田辺秀之[1]，寺井洋平[1]

[1]総研大・統合進化科学研究センター

地衣類は長らく菌類と藻類の二者共生系と考えられてきたが，近年多様な地衣類に共通して存在するバクテリアや担子菌酵母が相次いで報告され三者共生系として見直され始めている。これまでの我々の研究により，地衣類イオウゴケが陸上生物として始めて確認された化学合成共生系であり，化学合成細菌と三者共生系を確立したことで硫化水素を噴出する噴気孔周辺の極限環境に適応したことが明らかになった。今回，日本各地で採集したイオウゴケの全ゲノム配列を用いて共生菌・共生藻・共生バクテリアの系統関係を調べた結果，共生菌と共生バクテリアは全国で同一種であったのに対し，共生藻は同じ地域内であっても複数の種が混在していることが分かった。このことから，硫化水素環境に適応したイオウゴケでは共生菌・共生バクテリアが必須共生パートナーであり，共生藻に関しては比較的自由度が高く，より多様な種と共生関係を構築できることが明らかになった。

01C-02

Development of a fast dimension reduction method
高速な次元削減法の開発

○三澤計治[1,2]

[1]横浜市大・医，[2]理研

DNA 配列決定技術の進歩により，何千もの個体から得たゲノム配列を解析に利用することができるようになった。DNA 配列同士の類似度を概観する際に，主成分分析(PCA)などの次元削減法が広く使われている。なぜならば，PCA で使われる分散共分散行列は，DNA 配列間の距離行列と密接な関わりがあるためである(Misawa bioRxiv)。分散共分散行列や距離行列を求める際は，DNA 配列を総当たりで比較する必要があり，時間がかかっていた。そこで私は，DNA 配列を総当たりで比較することなく，次元削減を実行するアルゴリズムを開発した。さまざまなサイズのシミュレーションデータに対して時間比較を行うと，この新手法は PCA, t-SNE, UMAP より速く次元削減を行うことがわかった。この手法を用いると，多数の配列を短い時間で低次元空間に射映することができる。

01C-03

Expression and functional analysis of vertebrate *myosin heavy chain* genes involved in terrestrial adaptation
脊椎動物の陸上進出に関わるミオシン重鎖遺伝子の発現・機能解析

○田村啓[1,2]，加藤優斗[1]，宮坂拓実[1]，金子大輝[2]，福井彰雅[3]，伊藤道彦[1,2]

[1]北里大学・院理，[2]北里大学・理・分子生物，[3]中央大学・理工

脊椎動物は，その進化過程において，水中・陸上移動に適したボディープランを構築してきた。その移動の動力源である骨格筋では，ミオシン重鎖 (myosin heavy chain, MYH) タンパク質が重要な役割を担っている。MYH をコードする *myh* 遺伝子は，それぞれの系統で重複進化して多様化し，発現する遺伝子により骨格筋の性質が決定される。我々は，脊椎動物の陸上進出に寄与する *myh* 遺伝子の分子進化機構の解明を大きな目的とし，これまでに肉鰭魚類ハイギョと両生類の最も近い共通祖先で誕生した *myh* 遺伝子群を新たに発見し，さらに，この遺伝子群が有羊膜類の祖先で消失したことを示唆した。本発表では，この *myh* 遺伝子群の発現解析および MYH タンパク質の分子動力学シミュレーション解析の結果を示し，最後に，*myh* 遺伝子の発現・機能進化と陸上進出の関連性について議論したい。

01C-04

Adaptive evolution of the APOBEC3 regulatory region indicates ancient viral epidemics during the Out-of-Africa migration

○藤戸尚子[1]，Revathi Devi Sundaramoorthy[1]，颯田葉子[2]，井ノ上逸朗[1]

[1]遺伝研・人類遺伝，[2]総研大・統合進化科学研究センター

APOBEC3s are powerful human anti-viral proteins that inhibit viral replication and proliferation by inducing mutations in viral genomes. We found that in the regulatory region of the APOBEC3 cluster on human chromosome 22, there exist three distinct haplogroups that began to have diverged nearly 1 million years ago and have since been maintained in both African and non-African populations today. Despite the long persistence time of the haplogroups, one of which is shared by archaic hominins, we also found that the nucleotide diversity within each haplogroup is extremely low. With a simulation-based method, the observed low diversity within haplogroups and large divergence between haplogroups suggested that these haplogroups have been maintained by special forms of positive Darwinian selection. Repeated occurrence of such selection entails the enhanced substitution rate in this regulatory region in both the human and chimpanzee lineages. The causal events of such positive selection, which are most likely viral epidemics, are shown to have occurred at least three times in the modern human population: one before the Out-of-Africa migration and another two in the common ancestors of non-Africans.

01C-05

Caste-biased gene expression and pattern of sequence evolution in termite
シロアリにおけるカースト特異的な発現遺伝子の分子進化

○矢口甫，小山雄太郎，北條賢，前川清人

[1]森林総研・森林昆虫，[2]関西学院大，[3]富山大

社会性昆虫のカースト分化は表現型多型の好例である．昨今，シロアリのゲノミクスが進展したことで，カースト間で発現差のある遺伝子が同定され，カースト分化の遺伝的基盤が明らかにされつつある．そのようなカーストを特徴づける遺伝子では，異なる選択圧に起因する塩基配列パターンの差異が生じると考えられる．そこで，カースト特異的に発現が変動する遺伝子と塩基配列の特徴を検出するために，ネバダオオシロアリを用いて行動や生理を司る脳を対象にカースト間の RNA-seq 解析を実施し，発現遺伝子の GC 含量やコドン使用頻度を算出した．その結果，脳内で発現差のある遺伝子が多数見つかり，それらの塩基配列パターンは職蟻と兵隊で明瞭に異なることが示された．本発表では，発現遺伝子の塩基配列パターンに基づき，社会性昆虫における不妊カーストの進化における塩基配列パターンの進化的意義について議論したい．

01C-06

Kinship theory of intragenomic conflict in social insect: a test in single mating ants
ゲノムインプリンティングの父母ゲノム対立：トゲオオハリアリでの予測と検証

若宮健[1]，土畑重人[2]，○岡田泰和[1]

[1]都立大・理，[2]東京大・総合文化

有性生殖生物は父母に由来するゲノムを1対ずつ持つが，父母由来のゲノムは必ずしも均等に使われるわけではない．真社会性昆虫では，女王の子の中に繁殖個体（新女王）となる個体と不妊のワーカーとなる個体が生じるため，繁殖権を巡って父母ゲノムのコンフリクトが存在するとされる．女王が複数のオスと交尾する種では，父ゲノムは子を繁殖個体にすることが適応的になると予測され，複数回交尾のミツバチでは，この予測が概ね支持されている．産卵行動以外にも，社会性膜翅目ではワーカーが加齢につれて産卵能力が衰え，採餌や防衛など，利他的な行動を示すようになるため，こうした変化に父母ゲノムの発現バイアスが関与している可能性がある．これまで，父母ゲノムの発現バイアスの存在はほぼミツバチでしか検証されておらず，カーストや組織，齢によって変化するかは種を問わず未知の問題である．本発表では1回交尾のトゲオオハリアリでの検証の試みを報告する．

01C-07

Investigating the essence of long-branch attraction using the Farris phylogenetic tree.
Farris 系統樹を用いて長枝誘引の本質を探る

○堀池徳祐[1,2]，仲田昇平[2]

[1]静岡大・農，[2]静岡大・院総合

長枝誘引とは，系統樹の枝が長い2つの遠縁種が，系統樹を推定する際に誤って最も近縁な種としてグループ化されてしまう現象である。これまでの研究で長枝誘引を避ける手法がいくつか提案されたが，その効果は十分でないため，長枝誘引の発生機構の解明が必要とされている。Farris 系統樹は4 OTU 系統樹において長枝が近接した位置に存在する系統樹であるため，Felsenstein 系統樹において長枝誘引が起こった後の樹形と同一のトポロジーを持ち，長枝誘引が起こるとは考えられていなかった。我々は Felsenstein 系統樹だけでなく，Farris 系統樹をモデル系統樹として段階的にアミノ酸配列を分子進化させるシミュレーションを行い，その過程での各枝長やアミノ酸一致率を測定した。その結果，長枝誘引が生じる条件では Felsenstein 系統樹と Farris 系統樹の双方で長枝の OTU 間の枝長が本来より短く推定されるという共通した特徴を見出した。

01C-08

Investigating the essence of long-branch attraction using multiple alignment data.
マルチプルアラインメントデータを用いて長枝誘引の本質を探る

○仲田昇平[1]，堀池徳祐[1,2]

[1]静岡大・院総合，[2]静岡大・農

分子系統解析を行う際，誤った系統樹が推定されることがあるが，その原因の1つとして長枝誘引が知られている。長枝誘引とは，系統樹内に他よりも長い枝を持つ遠縁関係の2種が存在する場合において，長枝同士が最近縁としてグルーピングされてしまい，誤った系統樹が推定される現象である。しかし，長枝誘引を引き起こす具体的な原因はまだ特定されておらず，その発生メカニズムも不明である。我々は先行研究において，系統推定時のアラインメント手法が異なると，同一のオーソログ配列を利用した場合でも長枝誘引の発生頻度が異なることを発見した。そこで本研究では，マルチプルアラインメントと長枝誘引の関係性について注目し，長枝に設定した配列に対して変異を1つずつ追加する進化シミュレーションを行った。そして長枝誘引が発生する瞬間の前後のアラインメントデータを比較することで，その結果から長枝誘引の発生メカニズムについて考察した。

01D-01Y

Identification of salt-tolerant candidate genes related to Na and K dynamics in Vigna luteola
Vigna luteola の Na, K 動態に関与する耐塩性遺伝子候補の同定

○壹岐友里恵[1], Wang Fanmiao[2], 伊藤広輔[1], 野田祐作[2], 若竹崇雅[3], 田野井慶太朗[4], 内藤健[2]

[1]東大・院新領域, [2]農研機構・遺伝資源研究センター, [3]奈良先端大・先端科学技術, [4]東大・院農学生命

Vigna luteola, a legume species mainly living on beaches, exhibits remarkable adaptability to high salinity. However, some accessions inhabiting riverside are sensitive to salinity stress. This enables a comparative analysis to identify the salinity tolerance mechanisms of this species. In this study, we first investigated the distribution of Na and K under salt stress by ICP-MS. The results showed that, in the riverside accession, Na was mainly allocated to the shoot while K was in the root. In contrast, in the beach accession, Na allocation was more biased to the root while K was distributed to the whole plant body. This suggests that the beach accession prevents Na transport to the shoot, thus maintaining the transport pathway of K, which is essential for growth. Next, we aimed to identify genes involved in this mechanism by QTL and transcriptome analysis. To select candidate genes, we searched for genes that met the following three requirements: (1) location within QTL for salt tolerance, (2) high expression in the root in the salt-treated beach accession, and (3) known functions in salt tolerance.

01D-02Y

Individual termite movements reflect nest complexity evolution
巣構造（自己組織化）の違いにともなうシロアリの行動パターンの進化に迫る

○菊池顕生, 水元惟暁

沖縄科学技術大学院大

Termite nests are complex group-level patterns created by collective building. The complexity of nest structures can be largely variable across termite species. As living nest structure influences inter-individual interactions and collective behavior, individual-level behavior should be adjusted to the species-specific nesting environments. However, it remains unknown how innate individual behavior can be variable across termite species. Here we show that movement of termite workers is strongly correlated with their nesting strategy. Our observation in a petri dish arena revealed that one-piece nesting termites, whose colony life is completed within a single piece of wood that serves as both their nest and food source, moved less distance than multiple-piece nesters or separate-piece nesters, who come out of their nests and forage beyond single food source. We further fitted truncated power-law and stretched exponential models to the distribution of move/pause durations and found movements of one-piece nesters are not limited by confined space. Additionally, we found strong thigmotaxis in the movements of multiple-piece nesters or separate-piece nesters. Further investigation into a larger number of species and more complex social contexts could provide insight into the evolutionary relationship between nesting structures and collective behavior in termites.

01D-03Y

Do host races show assortative mating when their host plants are extremely coexisted?

○Shoko TAKANO [1], Issei OHSHIMA [1,2,3]

[1]Department of Life and Environmental Sciences, Kyoto Pref. Univ., [2]Center for Frontier Natural History, Kyoto Pref. Univ., [3]Kyoto Botanical Garden

In phytophagous insects, populations shifted to different host species often isolated from the original population by various mechanisms. Host-associated pre-mating isolation is one mechanism where individuals tend to mate on the host species on which they fed in immature stages. Although the effect of host-plant differences was assessed in various insect species, few studies assessed whether non-host-associated premating barriers are also involved in the isolating mechanisms between host races or ecotypes. The leaf-mining moth *Acrocercops transecta* (Gracillariidae) consists of two host races associating with either Juglandaceae or *Lyonia ovalifolia* (Ericaceae). The Juglandaceae-race shows reduced mating rates when juglandaceous leaves are deprived, while *Lyonia*-race females prefer to stay on *Lyonia* leaves in the mating period, leading to host-associated assortative mating between the two host races to a certain extent. In this study, we conducted choice-design crossing experiments, two females and two males (including both races in both sexes), one female and two males (including both races only in males) and vice versa, to assess whether the two host races show assortative mating even when the effect of host plants were excluded. We also talk about preliminary results on the observations of courtship compatibilities between the two races.

01D-04Y

Insights into the evolutionary origins of neurons: Lessons from ctenophore neurogenesis
クシクラゲの「神経化」遺伝子の機能解析で迫る神経細胞の進化的起源

○三宅みなと, 堀口理, 渡邉寛

OIST

The arise of the nervous system is a hallmark of animal evolution, yet little is known about the evolutionary origins and characteristics of ancestral neurons. To answer this, Ctenophora are an optimal target of investigation, as they are the earliest-branching extant animal lineage with neurons. However, ctenophore genomes lack major neural genes and neurotransmitters known in Cnidaria/Bilateria. Additionally, the molecular mechanisms responsible for their neurogenesis remain unclear, making it difficult to reconstruct the initial processes of neuronal evolution.

Recently, our lab identified neuron-specific neuropeptides of the new model ctenophore *Bolinopsis mikado*, revealing an unexpected degree of conservation of neurosecretory machinery between ctenophore and cnidarian/bilaterian nervous systems. By using these neuropeptides as definitive neuronal markers of Ctenophora, we found that transcription factors (TFs), such as bHLH, Pou, and Sox, which have known neural functions in Cnidaria/Bilateria, are expressed in the ctenophore neural cell clusters. Here, we present our recent progress on expression and functional analyses of some of these potential neurogenic TFs in *B. mikado* larvae. Our ultimate goal is to elucidate the yet enigmatic characteristics of ancestral neurons and to what extent neurogenic mechanisms are conserved across all animal lineages.

01D-05Y

The effect of transposable elements on gene expression levels in *Caenorhabditis inopinata*, whose characteristics differ greatly from those of the sibling species *Caenorhabditis elegans*.

○河原数馬[1], 稲田垂穂[1], Mehmet Dayi[2], 菊地泰生[3], 河田雅圭[1], 杉本亜砂子[1]

[1]東北大・院・生命, [2]Forestry vocational school, Duzce University, Türkiye, [3]東京大・院・新領域

The recently discovered nematode *Caenorhabditis inopinata* differs greatly from its sibling species *C. elegans* in many characteristics, including body size. The factors that cause such a large evolutionary change have not been elucidated. As a candidate factor, we focused on the transposable elements (TEs) that were expanded in the genome of *C. inopinata*. TEs are sequences that replicate and move autonomously throughout the genome, potentially altering the expression of neighbouring genes. Our previous works have shown that genes with TE insertions specific to *C. inopinata* and conserved among *C. inopinata* populations are more highly expressed in *C. inopinata* than in *C. elegans*. Therefore, we are currently working on genome editing to investigate the effect of TE insertions on the expression levels of neighbouring genes. As a target for gene editing, we have selected a hAT-family DNA transposon inserted near the *dpy-5 gene*, which is involved in body size. My talk will present the progress we have made.

01D-06Y

Comparative Analysis of Hypertrophic Lips in East African Cichlid

○待井長敏[1], 畑島諒[1], 相原光人[1], 長澤竜樹[1], 二階堂雅人[1]

[1]東京工業大・生命理工

Hundreds of ecologically and morphologically diverse cichlid fish inhabit in the East African Great Lakes Victoria, Malawi, and Tanganyika. Cichlid diversity is acquired independently and rapidly in each lake. Because of rapid diversification, cichlids form a genetically closely related population. Therefore, we can easily analyze molecular evolution of traits by comparing species with different morphologies.
Some morphologically similar features are observed among cichlids inhabiting different lakes and are known as parallel evolution. The "hypertrophic lips" which are also observed in all lakes are a good example of parallel evolution. Thus, hypertrophic lips in cichlids are interesting traits from the perspective of evolutionary biology, and its molecular basis is expected to be elucidated. However, the molecular mechanism behind the parallel evolution of hypertrophic lips is still unclear.
The aim of this study is to elucidate the mechanisms of parallel evolution in hypertrophic lip by histological observation, and transcriptome analysis. We revealed that proteoglycans are key to acquire hypertrophic lips. In addition, the wnt pathway, which regulate proteoglycan expression in human, was also detected in the transcriptome analysis. These results provide a piece of fundamental information for the parallel evolution of lip hypertrophy in cichlids.

01D-07Y

Co-option of the ancestral cis-regulatory sequences underlying the gain of new wing pigmentation pattern in Drosophila guttifera
祖先的な cis 制御配列の転用によるミズタマショウジョウバエの翅の新たな模様の獲得

○Takumi Karasawa[1], Namiho Saito[2], Shigeyuki Koshikawa[1,3]

[1]Grad. Sch. Env.Science, Hokkaido Univ., [2]Sch. Sci., Hokkaido Univ., [3]Fac. Env. Earth Sci., Hokkaido Univ.

The wing pigmentation patterns of *Drosophila* have long been studied to elucidate the genetic mechanisms underlying the evolution of new traits. Here, we show that ancestral *cis*-regulatory sequences are co-opted to produce a novel expression pattern of *wingless*, which generates the newly gained pigmentation pattern in *Drosophila guttifera*.
A previous study identified *cis*-regulatory regions that regulate *wingless* expression in the pupal wing. One of them, gutCVT-core, drives expression at crossveins and longitudinal vein tips. The homologous region in *Drosophila melanogaster*, melCV-core, drives expression only at crossveins. Thus, sequence changes in this region should have brought the novel *wingless* expression pattern and the new pigmentation pattern of *D. guttifera*.
To identify the *cis*-regulatory changes underlying this evolution, we examined the regulatory function of the *cis*-regulatory regions with various mutations including deletion of domains and potential transcription factor binding sites.
We identified one of the SMAD binding motifs, which is essential for producing the specific expression pattern in gutCVT-core. We also found that the SMAD binding sequence is conserved in the melCV-core and is required for its regulatory function. From these results, we concluded that the ancestral SMAD binding site is redeployed to generate the novel wingless expression pattern in *D. guttifera*.

01D-08Y

What shapes acoustic diversity in laryngeal echolocation of bats?

○野尻太郎[1], 武智正樹[1], Nicolas Brualla[2], 福井 大[3], Vuong Tan Tu[4], 目黒 史也[5], 小薮大輔[2,5]

[1]順天堂大・院医, [2]City University of Hong Kong, [3]東京大・院農, [4]ベトナム科学技術アカデミー, [5]筑波大 PMC

Laryngeal echolocation in bats is primarily driven by the hyolaryngeal apparatus, and the organ for the ultrasonic sound production is considerably divergent across species: nostrils in horseshoe bats and an oral cavity in vespertilionid bats. The hyolarynx of laryngeal echolocating bats have undergone drastic morphological innovations such as the hypertrophied cricothyroid muscle. Despite the potential to be informative for the evolution of laryngeal echolocation, the morphological diversification of the hyolarynx remains unexplored. A recent study has clarified that the stylohyal and petrosal bone, both of which play crucial roles in echolocation pulse perception, are ossified in a different way between nasal and oral echolocating lineages; thus, the development of pulse-processing organ reflects evolutionary signal for the laryngeal echolocation. Here, we conducted comparative analyses of the hyolaryngeal development to investigate key morphological changes providing bioacoustic diversity. The hyolaryngeal morphogenesis from six bats and mice were three-dimensionally reconstructed using microCT and serial tissue sections. We found that laryngeal echolocating bats with different sound organs have divergent hyoid components, the laryngeal morphology, and laryngeal development. We demonstrate that the morphological features of the hyolaryngeal apparatus for the ultrasonic emission are likely non-homologous among bats, therefore corroborating the convergent evolution of the laryngeal echolocation.

01D-09Y

Analysis of gene expression patterns in the groove meristem involved in new organ formation in the one-leaf plant *Monophyllaea*
一葉植物モノフィレアの新規器官形成に関与する溝分裂組織の特異な遺伝子発現パターン

○Shunji Nakamura, Ayaka Kinoshita, Hiroyuki Koga, Hirokazu Tsukaya

Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo

Members of the genus *Monophyllaea*, known as one-leaf plants, exhibit a unique developmental manner unlike that of typical seed plants such as the model plant, *Arabidopsis thaliana*. They open two identical cotyledons just after germination. Then, one cotyledon stops growing, whereas the other continues growing. During the vegetative phase, a shoot apical meristem (SAM) seems to be silent and no new organ is formed.
Monophyllaea (*Monophyllaea glabra*) has the specific meristem (GM: groove meristem) that has been suggested to correspond to the modified SAM. However, the molecular background of these meristems remains largely unknown. Recently, we reported that GM expressed not only SAM-specific *SHOOT MERISTEMLESS* (*STM*) gene but also leaf-meristem-specific *ANGUSTIFOLIA3* gene in Monophyllaea.
In this study, we detected the expression of meristem-related genes with known functions in Arabidopsis, such as *CUP-SHAPED COTYLEDON* (*CUC*) gene, using the whole-mount *in situ* hybridization in Monophyllaea. Interestingly, the expression of *STM* in GM region overlapped with *CUC* expression in Monophyllaea, whereas it was reported that *CUC* is expressed in the boundary region between SAM and leaf meristems and not overlapped with *STM* in Arabidopsis. We will discuss the molecular characteristics determining specific meristems of Monophyllaea, compared with the gene expression patterns of Arabidopsis.

01E-01

Evolution of urushi, Japanese lacquer tree
ゲノムとトランスクリプトームから探るウルシの進化

○菅裕[1], 石崎陽子[2], 渡辺敦史[3], 田村美帆[3], 村上愛[1], 加茂優美[1], 椎名隆[2]

[1]県立広島大, [2]摂南大, [3]九州大・院農

ウルシは固く美しい皮膜をつくる塗料として，遅くとも9000年前の縄文時代早期より日本で利用されてきたことがわかっている。しかしその進化についてはまだ不明な点が多い。ヌルデ，ハゼ，ヤマウルシなどを含むウルシ科の植物の一系統として分岐した後，中国を原産として日本列島に渡ってきたという説が有力であるが，データ量の不足もあり，まだ決着には至っていない。また，強く美しく固化する樹液を大量に出すという性質がどのようにして獲得されてきたものか，分子生物学的な解析もほとんど行われていない。我々はまず高品質のゲノム配列を決定した後，自然のウルシや植栽地の個体からRNAを抽出し，そのトランスクリプトームを解析した。本演題では，この特殊な「一芸」をもった植物がどこで生まれ，どのように進化し，そして日本で利用されるに至ったのか，現時点での我々の仮説を紹介したい。

01E-02

Kings' aging influences offspring's caste fate through epigenetic inheritance in termites
シロアリにおけるエピジェネティック遺伝を介した王の年齢依存的な子のカースト運命への影響

○高橋迪彦[1], 高田守[1], 石橋朋樹[2], 田﨑英祐[3], Olav Rueppell[4], Edward L. Vargo[5], 松浦健二[1]

[1]京都大・院農, [2]理研, [3]新潟大・自然科学, [4]アルバータ大, [5]テキサス A&M 大

社会性昆虫の社会は，遺伝的背景が同一の個体が繁殖虫やワーカーなどのカーストに分化することで成り立っている。近年，社会性昆虫のカースト分化には社会環境だけでなく，エピジェネティックな遺伝が関与することが理論的に示されているが，これまで実験的な証拠はなかった。我々は社会環境を揃えた飼育実験により，ヤマトシロアリの若い王では子の繁殖虫への分化率が老齢な王のそれよりも高いことを明らかにした。さらに，それぞれの王の精子において全ゲノムバイサルファイトシーケンスを行ったところ，精子 DNA のメチル化パターンが王の年齢によって異なっており，特にメチル化率が異なるサイトは遺伝子領域に多く見られた。また，メチル化率と子の繁殖虫への分化率との間で強い相関を示す複数の遺伝子が検出された。以上の結果から，シロアリのカースト分化には父親の精子 DNA のメチル化を介したエピジェネティックな遺伝が関与していることが示唆された。

01E-03

Unicellular Notch signaling - What is the role of contact sensor before multicellularity?
単細胞生物の Notch シグナリング ： 接触感知センサーの単細胞における機能とは？

○田中颯真[1]，青野克俊[1]，山原直樹[1]，三宅晃輝[1]，黒木義人[2]，阿形清和[2]，菅裕[1]

[1]県立広島大, [2]基礎生物学研究所

Notch シグナルは，細胞接触を通じて細胞増殖や細胞分化の制御を担い，動物の多細胞性を支えている。我々は Capsaspora という動物に近縁な単細胞生物から Notch 遺伝子の原型を発見した。Notch 様遺伝子を Capsaspora 細胞で過剰発現させた結果，「分子スイッチ」としての機能は動物と同様であることがわかった。加えて，少数細胞 RNA-seq 解析により，活性型 Notch タンパク質を過剰発現させると，細胞の代謝の他に，細胞分裂や性分化に関わる遺伝子の発現量が増加していた。これらのことから，動物の多細胞化以前，Notch は分子スイッチとして遺伝子の転写を制御し，細胞の様態を変化させる何らかの役割を担っており，多細胞性の進化に伴い，細胞接触の感知を行うようになったと考えられる。

01E-04

Genetic Differentiation and Demographic Trajectory of the Insular Formosan and Orii's Flying Foxes

Kung-Ping Lin[1], Shu-Miaw Chaw[2],Yun-Hwa Lo[1], Teruo Kinjo[3], Chien-Yi Tung[1], Hsi-Chi Cheng[4], Quintin Liu[5],Yoko Satta[5], Masako Izawa[6], Shiang-Fan Chen[7], and ○Wen-Ya Ko[1]

[1]National Yang Ming Chiao Tung University (NYCU), Taiwan, [2]Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taiwan, [3]Okinawa Zoo and Museum, [4]Endemic Species Research Institute, Taiwan, [5]SOKENDAI, [6]Kitakyushu Museum of Natural History and Human History, [7]Center for General Education, National Taipei University

Insular flying foxes are keystone species in island ecosystems. These species are vulnerable to population decline because of their small populations and low reproductive rates. The Formosan flying fox (*Pteropus dasymallus formosus*) is one of the 5 subspecies of the Ryukyu flying fox. *Pteropus dasymallus formosus* has suffered from a severe decline and is currently recognized as a critically endangered population in Taiwan. On the contrary, the Orii's flying fox (*Pteropus dasymallus inopinatus*) is a relatively stable population inhabiting Okinawa Island. Here, we applied a genomic approach called double digest restriction-site associated DNA sequencing to study these two subspecies for a total of 7 individuals. We detected significant genetic structure between them. Despite their contrasting contemporary population sizes, both populations harbor very low degrees of genetic diversity. We further inferred their demographic history based on the joint folded site frequency spectrum and revealed that both *P. d. formosus* and *P. d. inopinatus* had maintained small population sizes for a long period of time after their divergence. Recently, these populations experienced distinct trajectories of demographic changes. While *P. d. formosus* suffered from a drastic ~10-fold population decline not long ago, *P. d. inopinatus* underwent a ~4.5-fold population expansion.

01E-05

Analysis of keratin gene cluster in *Pleurodeles waltl*
イベリアトゲイモリケラチン遺伝子クラスターの解析

○福井彰雅[1], 鈴木賢一[2], 松波雅俊[3]

[1]中央大・理工, [2]基生研, [3]琉球大・医

ケラチンは主に上皮細胞で見られる中間径フィラメントであり，脊椎動物において体の領域や生理学的変化に伴いその発現が異なることが知られている。我々は以前アフリカツメガエルのケラチン遺伝子クラスターについて調査し，両生類に特有な Adult epidermal keratin (AEK) サブクラスターが存在していることを報告した (Suzuki et al., 2017, PMID:27842699)。今回，イベリアトゲイモリ *Pleurodeles waltl* のドラフトゲノムを解析し，8つの pseudogenes を含む69のケラチン候補遺伝子を同定した。また，トランスクリプトームデータベースをもとに発現パターンについても調査をおこなったところ，AEK を構成する遺伝子がツメガエルと異なることを見出し，脊椎動物の陸上適応の多様性が示唆された。

01E-06

Dynamic Evolution of Retroviral Envelope Genes in Egg-Laying Mammalian Genomes
単孔類ゲノムに内在化するレトロウイルス膜タンパク質の多様な進化

北尾晃一[1,2], 庄司日和[1], 宮沢孝幸[1], ○中川草[3]

[1]京大・医生研, [2]名大・院農, [3]東海大・医

様々な哺乳類のゲノムにはレトロウイルス由来の配列が存在し，胎盤の分化に関与することが分かっている。これまでの研究では，胎盤の細胞融合に関与するレトロウイルス膜蛋白質が多く発見され，胎生爬虫類のマブヤトカゲでも胎盤形成に関与する膜蛋白質が発見されていた。単孔類であるカモノハシのゲノムではウイルス由来の配列が少ないとされていたが，もう一種の単孔類であるハリモグラのゲノムを解析した結果，400アミノ酸以上をコードするレトロウイルス由来の膜タンパク質が121配列も見つかった（カモノハシは2配列）。このうちの1つはヒトの胎盤形成に関わる遺伝子と同じ受容体を使う可能性があり，実際にその受容体と相互作用して膜融合活性が確認された。この研究により，胎盤という新規形質の獲得と膜融合活性をもつウイルス由来の配列の獲得というのは必要条件なのかもしれないが，少なくとも十分条件ではないことが示唆された。

01E-07

An olfactory receptor gene expressed in the tongue of squamates
有鱗類の舌で発現する嗅覚受容体遺伝子——タンフリック行動の分子基盤の解明に向けて

○岸田拓士[1], 八ツ本真司[2], 笹井隆秀[3], 伊原さよ子[2], 東原和成[2]

[1]日本大・生物資源, [2]東京大・院農, [3]美ら島財団

ヘビなどが舌先をチロチロさせるタンフリック行動は，有鱗類（ヘビ・トカゲ類）特有の嗅覚行動として知られている。彼らはこの行動を介して，舌先に付着した化合物を口腔内にある鋤鼻器へと運ぶ。ただし，有鱗類の舌に味蕾は存在せず，舌それ自体は化学感覚器としての機能はもたないと考えられてきた。しかし，ウミヘビ類の舌に発現する嗅覚受容体（tongue-OR とよぶ）遺伝子の存在が2019年に報告された。本研究では，ゲノムが解読されている複数の爬虫類のゲノムから tongue-OR の相同遺伝子の探索を行った。この遺伝子の起源がタンフリック行動の起源と一致すること，有鱗類の進化の過程で tongue-OR 遺伝子には遺伝子重複や偽遺伝子化が見られないこと，が示唆された。ハブやアカマタなどの舌の RNA-seq から，この遺伝子が有鱗類の舌において，種を超えて普遍的に発現していることを確認した。有鱗類は，この受容体を用いて，舌先に触れたものが獲物かどうかを確認している可能性がある。

01E-08

Caste differences in dopamine levels in the brain during metamorphosis in two species of eusocial bees with different degrees of caste differentiation
カースト分化の程度が異なる真社会性ハナバチ類2種における変態期の脳内ドーパミン量のカースト差

○小沼貴文, 佐々木謙

玉川大・院農

真社会性ハナバチ類の雌成虫では繁殖分業によるカースト分化が見られ, ミツバチではカースト間で外部形態の特殊化が見られるのに対し, マルハナバチでは体サイズ以外の特殊化が見られず, 形態分化の程度に違いが見られる. 脳のカースト分化では, 羽化直後の脳内ドーパミン量はミツバチとマルハナバチともにワーカーよりも女王で多い. ミツバチではカースト間で変態期のドーパミンの動態が異なり, ドーパミン関連遺伝子発現量にもカースト差が存在する. そこで本研究ではマルハナバチの変態期におけるドーパミン関連物質量や遺伝子発現量のカースト差を調査し, ミツバチと比較した. マルハナバチでは変態期のドーパミン動態はカースト間で類似し, 女王でその量が有意に多かったが, ドーパミン関連遺伝子発現量のカースト差は見られなかった. 以上より, 変態期のドーパミン合成のカースト差はミツバチで発達しており, 形態分化の程度との関連が示唆された.

01F-01Y

Of brains and flies: The origins and conservation of bilateral polymorphisms of asymmetric body, a left-right asymmetric structure in the Drosophila brain

○Wong Wai Cheng[1], Sakamura So[1], Yoshida Tomoki[1], Tsujita Akari[1], Suyama Komomo[1], and Matsuno Kenji[1]

[1]Graduate School of Science, Osaka University

Left-right (LR) asymmetry, which can be observed in internal and external organs of various metazoans is vital for physiological functions. LR asymmetry also occurs in the brain of *Drosophila melanogaster*. Anti-Fascilin 2 (Fas2), an antibody that detects neurites, revealed an LR-asymmetric structure in adult *Drosophila's* brain termed the asymmetrical body (AB). Typically, wild-type individuals exhibit a larger AB on the right hemisphere, however, about 8% of the wild-type population show bilateral localization of Fas2, which has been linked to long-term memory impairment. Despite these findings, the mechanisms responsible for the LR asymmetric development of the AB and its maintenance remain elusive. This study investigates the origins of the AB polymorphisms and explore the reasons why it is conserved. To date, we have explored the potential alleles that are correlated with abnormal AB positioning via Genome Wide Association Analysis. We revealed that the alleles related to this abnormal phenotype is recessive and narrowed down 37 potential genes. Subsequently, we adopt RNA interference screening to investigate the potential causal genes for bilateral AB. From here on, we plan to identify genes and their genetic variations that control AB laterality, and further examine the effects of LR-symmetrical brain on the fitness of *Drosophila*.

01F-02Y

Alternative splicing of TRPA1 gene underlies the evolution of gustatory preference in a mustard-feeding drosophilid fly

○鈴木啓[1], 齋藤茂[2,3], 齋藤くれあ[2], Julianne N. Pelaez[1,4], Srivarsha Rajshekar[1], 松永光幸[1,5], Diler Haji[1], Ashleigh S. Takemoto[1], 田中健太郎[6], 髙橋文[6], Gary Karpen[1], 富永真琴[2,7,8], Noah K. Whiteman[1]

[1]カリフォルニア大バークレー校, [2]生理研, [3]長浜バイオ大, [4]ブランダイス大, [5]東京大・新領域, [6]東京都立大・理, [7]生命創成探究センター, [8]総研大

Scaptomyza flava is a drosophilid fly species that recently underwent a drastic diet shift from the ancestral microbe feeding to the obligate herbivory on the mustard plants, providing a promising system to study molecular mechanisms of host plant adaptation. Here, we investigated the evolution of gustatory preference in *S. flava* towards isothiocyanates (ITCs), mustard plant-specific defensive toxins that can strongly repel herbivorous insects by activating a bitter/pain-sensing ion channel called TRPA1. By combining behavioral, genetic, genomic, and physiological approaches, we found that 1) *S. flava* shows weaker feeding aversion to ITCs than its related microbe-feeding species, 2) TRPA1 is expressed in bitter-sensing neurons in both S. flava and the microbe feeders at comparable expression levels, 3) *Scaptomyza* TRPA1 is spliced into several isoforms that encode ion channels with various chemical sensitivities, and 4) chemosensory organs of *S. flava* are dominated by less sensitive TRPA1 isoforms. Taken together, these results highlight the possibility that *S. flava* have adapted to mustard plants by modulating the proportion of TRPA1 splice variants to suppress the sensitivity of bitter-sensing neurons to ITCs, thereby allowing them to feed on the mustard plants without being repelled by the toxins.

01F-03Y

Evolutionary dynamics of chemosensory receptor genes in Afrotheria

○佐藤優海[1], 新村芳人[1]

[1]宮崎大・農

Afrotheria comprises ecologically diverse mammals and is divided into two subgroups: Paenungulate includeing elephants, dugongs, and hyraxes; and Afroinsectiphilia including tenrecs, elephant shrews, and aardvarks. African elephants are known to possess the largest number of functional olfactory receptor (OR) genes among mammals, with ~2,000 genes. The order Proboscidea (elephants) is evolutionarily closely related to Sirenia (dugongs and manatees), which have fully adapted to an aquatic lifestyle independent of Cetaceans with significantly reduced OR gene repertoires. In this study, we investigated the evolutionary dynamics of chemosensory receptor genes, OR, vomeronasal receptor type 1 (V1R), and bitter taste receptor (T2R) genes, using genome assemblies of 11 afrotherian species that cover all orders. By analyzing chromosome-level genome assemblies, we discovered that both African and Asian elephants actually have substantially larger numbers of OR genes than previously reported. Additionally, sirenians retain 300-400 intact OR genes, a number comparable to that of humans. We also identified orthologous gene groups for OR, V1R, and T2R genes to identify genes that have specifically expanded and lost in the lineages of the proboscidean and sirenian ancestors, respectively. This study provides insight into how mammalian species have adapted to diverse environments at the sensory level.

01F-04Y

The genomic basis for trophic adaptation of East African egg-eating cichlids

○今本南[1], 中村遥奈[2], 相原光人[1], 二階堂雅人[1]

[1]東工大, [2]総研大

In Lake Victoria East Africa, 500 endemic cichlid fishes have evolved within only 15,000 years, showing remarkable diversity in morphologies and ecologies. Among 12 tropic groups of endemic cichlids, an egg-eater, a cichlid who eats eggs and fries, takes a specialized feeding strategy. Cichlids generally brood eggs and fries in the mother's mouth and egg-eaters attack a mother holding eggs, robbing eggs by directly sucking her head. They also present phenotypic features such as reduced numbers of inner teeth rows, small teeth, hypertrophic lips, and distensible jaws, which are regarded as adaptive traits for their feeding strategy. This study aimed to understand the genetic basis of unique eco-morphologies of egg-eaters. We conducted comparative genomics using 38 whole genomes, including two egg-eaters and two *Pundamilia* species, which were determined as the sister lineage of egg-eaters. In highly differentiated regions (HDRs) for four pairs of egg-eater versus *Pundamilia* species, 29 HDRs were shared among four pairs. These HDRs were located in genes related to various pathways such as calcium signaling and sweet taste signaling. We concluded that these HDRs were shaped by positive selection, contributing unique trophic adaptation.

01F-05Y

Ancient viral discoveries from metagenomic data of ancient individuals
古代人メタゲノムデータを用いた古代ウイルス探索

○西村瑠佳[1,2], 杉本竜太[3], 神澤秀明[4], 篠田謙一[4], 井ノ上逸朗[2]

[1]総研大・生命科学研究科・遺伝学専攻, [2]遺伝研・人類遺伝, [3]遺伝学普及会, [4]国立科学博物館

Ancient DNAs containing viral genomes have been found in archaeological samples like bones and mummified tissues. These samples offer insights into past pandemics and long-term viral evolution, considering the time-dependent rate phenomenon (TDRP). However, the number of identified ancient viruses is limited, mostly human pathogens. To address this, we analyzed genomic data from 36 ancient individuals in Japan and over 300 publicly available datasets. By conducting de novo assembly of non-human reads and utilizing various methods, including machine learning and CRISPR immunological memories, we discovered over 50,000 candidate ancient viral contigs, including around 200 high-quality ancient viral genomes. These contigs were then subjected to analyses of phylogenetic relationships, open reading frame (ORF) components, and the interactions between hosts and viruses to characterize the ancient virome. For example, phylogenetic analyses of ancient and modern Siphovirus contig89 (CT89), existing in human oral environment, revealed the most recent common ancestor and substitution rate of approximately 10^-5 substitution/site/year, reflecting TDRP. In addition, comparisons of viral components between ancient and modern samples revealed differences that might reflect variations in dietary characteristics. Our results demonstrate the value of metagenomic data from ancient samples in understanding long-term viral evolution and ancient viral characteristics.

01F-06Y

Comprehensive detection of molecular convergences for systematic profiling of convergent evolution

○Tomoya Nishiguchi, Wataru Iwasaki

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

Convergent evolution is one of the most important topics in evolutionary biology. Phenotypic convergence can be accompanied by molecular convergence, if that phenotype is directly linked to a specific gene. For example, lysozymes of ruminants that do foregut fermentation share more convergent substitutions with those of colobine monkeys than those of other primates. Various phenotypic convergences can occur at diverse levels from cells to behavior and between any pair of phylogenetic clades under similar evolutionary pressures. Thus, there may be unnoticed functional and taxonomic patterns in convergent evolution, and it may even be possible that some phenotypic convergences still remain unnoticed. The ever-growing genomic datasets would allow us to profile convergent evolution systematically. In this study, we comprehensively detected molecular convergence among 87 families of placentals for which high-quality genomes are available. To increase specificity by eliminating false positives due to phylogenetic topological errors and neutral substitutions, we focused on convergent substitutions that are conserved and significant under the consideration of synonymous convergent substitutions. Functional enrichment analysis of the detected molecular convergences statistically confirmed that our method gives biologically meaningful results. The functional and taxonomic patterns and unnoticed signs of convergent evolution will be discussed.

01F-07Y

Ectopic expression of chemoreceptor genes in fish
魚類における化学受容体遺伝子の異所性発現

○西浦賀乃子[1], 張子聡[2], 長澤竜樹[1], 二階堂雅人[1]

[1]東京工業大・生命理工, [2]京都大・ヒト生物学高等研究拠点

Olfaction and taste, the so-called chemical senses, detect chemical substances. Typically, chemical senses have been understood as localized senses at the olfactory epithelium and the taste bud located in the nose and tongue, respectively. Recently, several studies have demonstrated the existence of chemoreception in various organs of the mouse and human, suggesting its involvement in a variety of physiological processes such as biodefence and homeostasis. However, studies of ectopic chemoreception have been limited to a few model organisms such as mouse and human. In this study, we comprehensively investigated the ectopic expression of chemoreceptor genes (OR, TAAR, V1R, V2R, T1R and T2R), which form a multi-copy gene family in the vertebrate genome. First, we isolated chemoreceptor genes from whole genome sequences in bichir *Polypterus senegalus*, a basal ray-finned fish, and zebrafish *Danio rerio*, and found 1,173 and 345 genes, respectively. We then looked for ectopic expression of these chemoreceptors in 11 tissues using RNA-seq, and found expression of some receptors in various tissues. In particular, the OR-κ and T1R1 genes, which are widely conserved chemoreceptors, were ubiquitously expressed in all tissues used in this study. These results suggest an evolutionary conservation of internal chemoreception in fish.

01F-08Y

Evolutionary changes of non-coding elements associated with transition of sexual mode in the Caenorhabditis nematode

○玉川克典[1], Mehmet Dayi[2], 孫思墨[2], 菊地泰生[2], 春田奈美[1], 杉本亜砂子[1], 牧野能士[1]

[1]東北大・院生命, [2]東京大・院新領域創生

The transition of the sexual mode occurs in widely animals and is involved in various biological phenomena. In *Caenorhabditis* nematodes, androdioecy, polymorphism of males and hermaphrodites, is observed in several species independently, and the ability of self-fertilization in hermaphrodite evolved convergently. The sex determination pathway and genes associated with hermaphroditism have been identified mainly in *C. elegans*, and spatiotemporal gene regulation plays crucial roles in proper hermaphrodite-specific spermatogenesis. Although the regulatory elements in non-coding regions should be involved in the evolution of hermaphroditism, the contribution of non-coding elements to the transition of sexual mode is ambiguous, yet. Here, we conducted a genome-wide analysis of conserved non-coding elements focusing on the evolution of hermaphroditism in *Caenorhabditis* nematodes using whole genome alignments and transcriptomics. Rapid accumulation of mutation in androdioecious nematodes was observed in non-coding element neighbor to the genes associated with sexual traits. Expression patterns in the androdioecious nematode supported the involvement of those regions in hermaphrodite-specific spermatogenesis. Furthermore, those regions might be associated with the transition of gene expression between the diecious and androdioecious nematode. These results highlight the importance of non-coding regions to the transition of sexual modes in evolutionary processes.

01F-09Y

Revisit of alternative splicing patterns modulated by RNA methyltransferase FIONA1 in *Arabidopsis thaliana*
シロイヌナズナにおける RNA メチル基転移酵素FIONA1に調節される選択的スプライシングパターンの再検討

○Ryo Miyokawa, Eriko Sasaki

九大・院理

Pleiotropic genes, which control multiple traits, are known to play a crucial role in the environmental adaptation of plants. In *Arabidopsis thaliana*, the methyltransferase gene *FIONA1* (*FIO1*) has been identified as a pleiotropic gene. *FIO1* is expected to control numerous gene expressions through modulating m6A methylation in U6 snRNA that influences alternative splicing patterns. The loss-of-function *FIO1* shows pleiotropic phenotypes such as flowering time and leaf color. Recently, several studies have reported the molecular functions of *FIO1* in *A. thaliana*, but consistent conclusions have not been obtained across studies. This study aims to elucidate the discrepancies in the control of alternative splicing by *FIO1* among the previous studies and clarify how *FIO1* influences pleiotropic phenotypes.
To reveal the reasons behind the different conclusions in previous studies, we reanalyzed differential splicing patterns using RNA-seq datasets of *FIO1*-knockout mutants from those studies by four analytical pipelines. Different pipelines provided limited concordance, and data qualities, including the number of replicates, coverage, and adapter contamination, largely affected the detection of differential splicing. Based on these results, we discuss potential causes for disagreements in claims made by the previous studies and consistent splicing patterns controlled by *FIO1*.

02A-01

Macro-evolutionary pathway reveals combinatorial evolution with coupling and uncoupling of multiple traits in phenotypic multi-component systems
マクロ進化パスウェイ：様々な形質の組み合わせ進化の数理技術開発と進化ダイナミクス

○鈴木誉保, 岩崎渉

東大・新領域

生物システムは，様々な形質を組み合わせた多要素構造である。系統進化では複数形質の獲得・消失を繰り返し，様々な生活史戦略をもった多様な種が誕生する。こうしたマクロ進化ダイナミクスは重要であるものの，ほとんど研究が進んでいない。本研究では，複数形質の獲得・消失を解析する数理手法の開発を紹介し，細菌の表現型多要素システムのマクロ進化ダイナミクスを明らかにしたので報告する。まず，系統比較法に工夫を加えて，「マクロ進化パスウェイ」を解析する新しい数理手法を開発した。次に，約4,000種の細菌の系統樹を用意し，表現型形質（形態・運動性・胞子形成能）の組み合わせ進化を解析した。その結果，マクロ進化の大域構造，大域構造間の方向性のある進化などを解明した。また，形質の組み合わせ進化のたびにエンリッチされる遺伝子群や遺伝子制御機構も解明した。我々の概念的・分析的枠組みは，表現型システム生物学に新たな扉を開くだろう。

02A-02

Evolution of a novel labro-maxillary interlocking mechanism in ants (Hymenoptera: Formicidae) and its correlation with diet types

○Adrian Richter, Roberto Keller, Evan Economo

Biodiversity and Biocomplexity Unit, OIST

Ants are dominant animals in terrestrial ecosystems. Their success is arguably related to their unique combination of a eusocial, ground-oriented, and predatory lifestyle. Many morphological features have been related to ants' eusocial life on the ground, including wingless workers and an antibiotic gland. However, these characters do not necessarily correlate functionally with the ant's major ecological role as predators and nest defenders. Here we describe a mechanical innovation that may be crucial for this role: when ants retract their mouthparts, the labrum interlocks with both maxillae through cuticular outgrowths, keeping it in place in front of the mouth. We hypothesize that this mechanism shields the feeding apparatus and allows safe use of mandibles during predation and combat. Examination of 170 species representing ants and outgroups suggests that the mechanism is autapomorphic for Formicidae and various interaction types occur in ants. We reconstruct the evolution of this variation and attempt to relate different levels of interlocking to feeding ecology. Model tests of character correlation give only limited support favoring correlated evolution between locking and diet. Focused biomechanical study will be needed to better understand the mechanical consequences of the interlocking and its potential role in the ecological dominance of ants.

02A-03

Patterns of skeletomuscular evolution in ants

○Lazzat Aibekova, Evan Economo

Biodiversity and Biocomplexity Unit, Okinawa Institute of Science and Technology

Ants, one of the most successful groups on the planet, play an essential role in almost all terrestrial ecosystems. They evolved different locomotion patterns to be able to move on different surfaces, to exploit different habitats, and also to cope with adverse conditions. Some ants are specialized in running, such as desert ants, some are specialized for gliding, swimming, and many other locomotion types. Adaptations involve innovations to structure that enhance performance. Thus, to understand the basis for the evolution of different modes of locomotion, it is important to study the entire thoracic skeletomuscular system. Therefore, to gain anatomical and mechanistic insight into the evolution of functional morphology in ants we use a comparative approach.

02A-04

Evolutionarily conserved molecular features of the avian central serotonergic system
鳥類の中枢セロトニンシステムの分子的特徴は進化的に保存されている

○藤田俊之，山口真二

帝京大・薬

脊椎動物において，中枢セロトニン系の解剖学的な保存性が指摘されてきた。しかし，哺乳類以外の脊椎動物では知見が限られるため，脊椎動物で中枢セロトニン系がどの程度，分子的，機能的に保存されているのか明らかではない。そこで我々は，ニワトリ（Gallus gallus domesticus）を用いて中枢セロトニン系の分子解剖学的解明を試みた。まず，ニワトリのセロトニン作動性ニューロンの分布と受容体の発現を検討した結果，解剖学的のみならず分子的な特徴が鳥類と哺乳類との間で保存されていることが示唆された(Fujita, et al., 2022a)。次に，ニワトリ終脳におけるセロトニン受容体の発現部位を網羅的に明らかにした（Fujita, et al., 2020; 2022b）。本研究によって，鳥類の認知や感情機能に対するセロトニン系による調節を検討することが可能となる。

02A-05

Coevolution of exaggerated male and female genitalia by sex-concordant genes in Carabus (Ohomopterus) beetle
オオオサムシ亜属における同じ遺伝子を介した雌雄交尾器の巨大共進化

○野村翔太[1]，曽田貞滋[2]，新美輝幸[1]

[1]基礎生物学研究所，[2]京大・院理

体内受精を行う動物の多くは近縁種間で多様な交尾器形態を示し，同時に同種の雌雄間では精巧に対応した形態を持つことがある。種特異的な交尾器は性選択や性的対立により，雌雄それぞれで独立に進化したと考えられている。しかし，雌雄で対応した交尾器における種間の違いをもたらす遺伝基盤が，雌雄で共通かあるいは異なるかを検証した研究は少ない。本研究では，巨大な雌雄交尾器をもつドウキョウオサムシの近縁種間・性間の遺伝子発現量比較から巨大交尾器の形成に関わる遺伝子を探索した。さらに Larval RNAi 法により遺伝子をノックダウンして雌雄交尾器形態への影響を検証した。その結果，発現量解析において雌雄で同様な発現変化を示す遺伝子が巨大交尾器の形成に関わること，それらの遺伝子のノックダウンにより雌雄交尾器のサイズが同様に変化することを明らかにした。本研究の結果は雌雄で同様な遺伝基盤がそれぞれの交尾器の巨大化に関わったことを示唆する。

02A-06

Heart evolution: the commonalities between molluscan oysters and vertebrates and myoelastic protein conectin.
心臓進化：軟体動物カキと脊椎動物の共通性と筋弾性蛋白質コネクチン

○花島章，木元弥咲，大平桃子，臼居優，橋本謙，毛利聡

川崎医大・生理

心臓は骨格筋と同様に横紋筋サルコメアのアクチンとミオシンにより収縮するが，拡張には別のシステムが必要で，脊椎動物は進化過程で心房による心室への血液充填というメカニズムを獲得した。しかし心房の大きさと心室機械特性との関係は解明されていない。超巨大蛋白質コネクチンは横紋筋サルコメアの半分を1分子で繋ぎ，伸展時に張力を発生させ心臓の拡張性を規定している。そこで脊椎動物と同様に心房・心室型の軟体動物カキ心臓を臓器からコネクチン分子まで多階層的に解析し，進化を比較した。結果，カキ心臓は2心房2心室で等容積の内腔に位置し，心室の収縮時には内腔が陰圧となり心房に血液を流入させていた。また心室組織はスポンジ状で，心筋細胞は細長く，コネクチンのバネ領域が非常に長かった。従って，心房による心室への血液充填が優位な心臓では，コネクチン弾性領域が長く心室拡張性が高いことが，動物門を超えた普遍的原理だと示唆された。

02A-07

Prediction of human facial morphology based on genomic polymorphisms
ヒトの顔形状の遺伝率推定と顔形状予測ソフトウエアの開発

○今西規[1], 木村亮介[2], 瀧靖之[3], 竹内光[3], 中川草 [1], 安藤寿康[4]

[1]東海大・医, [2]琉球大・医, [3]東北大・加齢研, [4]慶應大・文

われわれはヒトの顔形状をゲノム多型データに基づいて予測するソフトウエア，ゲノムモンタージュの開発を行っている。これまでに日本人の被験者に対して顔の3D 形状を測定し，同時に被験者のゲノム多型を解析して，その分析を進めてきた。まず，双生児を使って顔のさまざまな部位の遺伝率推定を行ったところ，多くの部位が高い遺伝率を示した。次に，顔形状の主な特徴をあらわす複数のパラメータ（主成分）を得て，各パラメータをゲノム多型から推定するための多遺伝子スコア（genome-wide polygenic scores）の計算式を求めた。これを用いてゲノム多型データから顔形状を予測するソフトウエアを開発した。以上の解析結果を含め，本プロジェクトの現状について報告する。

02A-08

Time course transcriptome analysis and histological observation of cuscuta gall
アメリカネナシカズラ虫こぶにおける経時的な発現変動解析および組織学的解析

○別所-上原奏子[1], Jyothi Udandarao[1], 土`田努[2]

[1]東北大・生命科学, [2]富山大・理学

虫こぶとは昆虫により誘導される異形の植物器官で，昆虫にとっては居住地かつ食料となる。昆虫綱では30目のうち6目に虫こぶ形成を行う種が含まれることから，昆虫の特定の目で虫こぶを形成する能力が獲得されたと考えられる。また，寄生する昆虫種が異なれば同一植物上でも異なる形態の虫こぶが形成されることから，昆虫側に虫こぶ形成の要因があると考えられている。しかし一方で，これまでに複数系統の宿主植物における網羅的発現解析から，虫こぶ発生初期には花成関連遺伝子群の発現上昇が起きることが示されてきた。本研究では実験室内で飼育可能な甲虫目ゾウムシとその宿主であるアメリカネナシカズラを用い，組織学，発現解析，生理学実験結果を行った。その結果，アメリカネナシカズラ虫こぶにおいても形成初期には花成関連遺伝子群の発現上昇が確認された。このことは植物側の応答機構は一部保存されていることを示唆している。

02B-01

Caste differences in biogenic amine levels in the brains of paper wasps and comparison with eusocial bees
アシナガバチ類における脳内アミン量のカースト差とハナバチ類との比較

○佐々木謙[1,2], 吉村英翔[3], 西村正和[2]

[1]玉川大・院農, [2]玉川大・ミツバチ科学, [3]農研機構・東北農研

This study investigated caste differences in the neuroendocrinal states of brains at emergence and during colony founding in paper wasp species. We revealed that the levels of dopamine precursors in the brains were higher in gynes than workers at emergence in three *Polistes* species, whereas those of dopamine and its metabolite did not differ between castes in these species. Dopamine precursors were stored in the brains without dopamine biosynthesis at emergence, and then were converted into dopamine in foundresses during colony founding. The storage of dopamine precursors in the brains of emerged gynes in the three species might be an adaptive preparation for behavior and physiology during colony founding. These characteristics in the paper wasps largely differed from those in eusocial bees with high levels of dopamine in the emerged gynes. In honey bees and bumble bees, the emerged gynes stored higher levels of dopamine and its precursors and metabolites in the brains in comparison to the emerged workers. This may be based on phylogenetical differences and associated with degrees of caste differentiation or plasticity of caste determination in adults.

02B-02

Effects of gene flow on the genetic basis of parallel evolution in sticklebacks
遺伝子流動がトゲウオの平行進化の遺伝基盤に与える影響

○山﨑曜[1], 豊田敦[1], 小北智之[2], 森誠一[3], 北野潤[1]

[1]遺伝研, [2]九大・院農, [3]岐阜協立大・経

平行進化の遺伝基盤の共通性と独自性の解明は，進化の予測可能性を理解する上で重要である．遺伝子流動は対立遺伝子を拡散させることで平行進化の際の遺伝的基盤の共通性を高めると予測される。また，対比的な環境間での遺伝子流動は適応遺伝子のゲノム局在性を促進すると予測される。実際，トゲウオは海型を祖先とし淡水型が繰り返し平行進化したが，遺伝子流動率が高い欧米の淡水集団では遺伝的基盤の共通性は高く適応遺伝子のゲノム局在性も観察されている．一方で日本の淡水型は異所的に分布するため，欧米とは異なる遺伝機構による平行進化が予想された．そこで QTL マッピング，全ゲノムリシーケンス，全ゲノム比較等により日本の淡水型の平行進化の遺伝的基盤を解析したところ，日本の淡水型は基本的に欧米とは異なる変異で適応し，適応遺伝子の局在性も低かった．本結果は，遺伝子流動の有無という歴史的偶然性が進化の道筋に与える影響を示している．

02B-03

Environmental adaptation of Arabidopsis thaliana in population history: multi-omics approach of QTL, eQTL and population genome
集団史に見るシロイヌナズナの環境適応：QTL・eQTL・集団ゲノムのマルチオミクスアプローチ

○中道礼一郎，北田修一，岸野洋久

[1]水産機構・資源研，[2]海洋大・名誉教授，[3]東大・院農

表現型と遺伝子発現を総合的に解釈することにより，生物集団の環境適応とその生理的制約要因への理解を深めることが出来よう。そこで本研究は，シロイヌナズナの集団史における表現型の適応と遺伝子発現の適応を網羅的に集めた。公開オミクスデータベースを用いて，QTL・eQTL の網羅的データと集団ゲノムを統合分析し，表現型にかかる選択圧と遺伝子発現にかかる選択圧を納めたデータベースを構築した。QTL・eQTL のアレル頻度の変動を中立 SNP のそれと対比し，遺伝的浮動の影響を超えた形質・発現の有意な変化を捉えることにより，650個の表現型適応と3,925個の遺伝子発現適応を検出した。その結果，イベリア半島を起点に中央アジア・南シベリアへの東進，スカンジナビアへの北上，カスピ海南西沿岸への定着，ドイツ系群の北米への移入という4つの歴史的局面において，多数の遺伝子の発現に選択圧がかかったことが浮き彫りになった。

02B-04

Wolbachia in the alien aphid *Cinara cedri*: strain identification, localization and vertical transmission
外来アブラムシ *Cinara cedri* の報告と感染 *Wolbachia* の系統特定・体内局在・垂直感染

○野崎友成，小林裕樹，重信秀治

基礎生物学研究所・進化ゲノミクス研究室

Wolbachia は節足動物に広く感染する細胞内共生細菌であり，生殖操作などのホストの生存・繁殖にとって重要な機能を持つことがある。この細菌は，昆虫では卵巣の生殖細胞系列に感染しており，垂直伝達によって集団中に広がることが一般に知られている。本発表では，アブラムシ *Cinara cedri* の日本への侵入，および感染している *Wolbachia* の特徴について報告する。この *Wolbachia* は個体群中に非常に高い頻度で感染しており（9割以上），系統としてはアブラムシ特異的なクレードに属することが判明した。次に，アブラムシ体内では共生器官（生存に必須な共生細菌 *Buchnera* と *Serratia* を格納する細胞塊）に局在しており，母から子への垂直伝達には生殖細胞への感染を経ないことがわかった。このアブラムシの *Wolbachia* は必須共生細菌たちの感染経路をヒッチハイクしている可能性がある。

02B-05

Exploring the Causes of Elevated Mutation Rates in Unique Aquatic Plants
特異な形態をもつ水生植物における分子進化速度の上昇とその原因探索に向けて

○片山なつ[1]，川口也和子[2]，磯田珠奈子[3]，西山智明[4]

[1]千葉大・院理，[2]遺伝研・理論生態進化，[3]県立広島大・生物資源，[4]金沢大・疾患モデル

遺伝的変異は進化の供給源であり，変異の増大は進化を促進しうる。演者らは，現在，特異な植物の進化の原動力を解明するため，河川急流域に生育するカワゴケソウ科と，湖沼の水面に生育するサトイモ科ウキクサ亜科対象に，分子進化速度の上昇とその原因の探索を行なっている。これまでに，カワゴケソウ科とウキクサ亜科のそれぞれの出現時に分子進化速度の上昇が検出され，光環境応答あるいはストレス応答に関わる遺伝子群が選択圧を受けた可能性が推定された。また，各分類群内において，酸化ストレス応答に関わるアントシアニン合成の有無と分子進化速度との関連性が見えてきた。以上のことから，両分類群における分子進化速度の変化に，水生化という環境変化に伴う酸化ストレスとその応答機構が寄与している可能性が示唆された。

02B-06

Evolution in Airport: polymorphism of color patterns in pygmy grasshoppers under the anti-predatory environment
バードストライク対策による空港での捕食圧の低下はそこに生息する昆虫の表現型に影響するか？

○林亮太[1]，鶴井香織[2]

[1]日本工営株式会社中央研究所，[2]琉球大・農

『シャクガの工業暗化』を筆頭に，人間活動が生物の表現型に影響し，観察可能なタイムスケールで進化が可視化される事例が増えている。本研究では，ハラヒシバッタの斑紋多型が，空港周辺でどのように進化しているかを紹介する。ハラヒシバッタの背中の黒紋は分断色として機能する一方，紫外線を吸収することで体温が上昇し，採餌や繁殖にかかる時間が短くなるというトレードオフがある。空港ではバードストライク対策として鳥類を排除するため，そこに生息する昆虫類にとって捕食圧が低い環境となる。このとき，空港周辺のハラヒシバッタは擬態の必要性が低減し，黒紋を持たない個体が増えると考えられる。本研究では，大型空港周辺のハラヒシバッタ集団の黒紋頻度を同緯度の集団と比較し，空港周辺で起こる迅速な進化を示す。

02B-07

Rapid purging of introgressed genome after tsunami-induced hybridization
津波直後にみられたトゲウオ科魚類の種間交雑と引き続く異種ゲノムの排除機構

○細木拓也[1,2]，森誠一[3]，西田翔太郎[3]，久米学[4],永野惇[5,6]，神部飛雄[7,8]，柿岡諒[9]，中本健太[10]，飯野佑樹[10]，小玉将史[11]，大場理幹[10]，石川麻乃[10]，山﨑曜[7]，北野潤[7,8]

[1]北海道大，[2]JSPS，[3]岐阜協立大，[4]京都大，[5]龍谷大，[6]慶應義塾大，[7]遺伝研，[8]総研大，[9]琉球大，[10]東京大，[11]鹿児島大

大規模な災害は非常にまれで予測不可能であるため，災害直後に生物多様性がどのように失われたり回復したりするかを直接観察する機会はほとんどない。この課題に対し，我々は東日本大震災によって津波跡地に誕生したトゲウオ科魚類の雑種集団に着目することで，大規模な災害は種を融合しうるのか，融合に直面しても遺伝的分化は再構成されうるのかを追求している。津波1年前から9年後までの継続的な観測から，津波直後に海で大半を過ごすニホンイトヨと淡水で一生を過ごすイトヨが交雑したが，その後ニホンイトヨ由来のゲノムが数世代で排除されることで二種は融合しなかったことが判明した。性的隔離や雑種不妊に加え，海へ出ていくか津波跡地に残るかといった生息地の好みや，津波跡地での生存に関与する遺伝領域で，排除が速かった。これは，生殖隔離機構が交雑後の急速な遺伝的分化の再構築を駆動し，種の融合が防がれたことを示唆する。

02B-08

Superorganismality in social aphids
社会性アブラムシの超個体性

○植松圭吾

慶応大・生物

社会性昆虫などの分業化されたコロニーを表現する上で，超個体(superorganism)という単語が曖昧に使用されてきた。近年，超個体性(superorganismality)が新たに定義され，その中では不妊階級と生殖階級の形態的特殊化が重視されている。社会性を示すアブラムシにおいては，兵隊個体が研究される一方で，生殖個体の特殊化については研究が進んでいなかった。

本研究では，イスノキにゴール（虫こぶ）を形成し，1齢幼虫が体液で自己犠牲的なゴール修復を行うことが知られているモンゼンイスアブラムシについて，ゴール内の齢構成および各モルフの体サイズの経時的変化を調べた。その結果，ゴール裂開後に分散し，次世代の生殖を担う有翅成虫は，その親である無翅成虫の10倍以上の体重を示した。一方，1齢幼虫の大半は成長せずに裂開直前のゴール内に留まっており，実質的に不妊であることが示唆された。これら，生殖個体・利他個体の生理的特殊化を示す結果を踏まえ，アブラムシにおける超個体性の進化について考察する。

02C-01

Tryptophanase disruption underlies the evolution of stinkbug-*Pantoea* mutualism
トリプトファン代謝遺伝子欠損で *Pantoea* 属細菌がカメムシ相利共生細菌に進化する

○汪亜運[1]，古賀隆一[1]，小口晃平[2]，細川貴弘[3]，二河成男[4]，森山実[1]，深津武馬[1]

[1]産総研，[2]東大・院理・臨海，[3]九州大・理，[4]放送大・教養

先行研究により，大腸菌の炭素カタボライト抑制系（CCR）の主要制御遺伝子である *crp* や *cyaA* の機能喪失突然変異により，大腸菌がチャバネアオカメムシ必須共生細菌に進化しうることが示された（Koga et al. 2022 Nat Microb）。今回，CCR 制御下にある遺伝子群の探索から，トリプトファン分解酵素遺伝子 *tnaA* の機能喪失変異による，それらに匹敵する宿主形質改善を見出した。Δ*cyaA*，Δ*crp* および Δ*tnaA* 感染虫の体内トリプトファン濃度は共通して有意に上昇しており，宿主形質改善に関わる可能性が示唆された。多種多様なカメムシ類における *Pantoea* 属の必須共生細菌や潜在的共生細菌はすべてゲノム中に *tnaA* 遺伝子を持たず，一方で *tnaA* 遺伝子を持つ *Pantoea* 属細菌は共生能力が著しく劣っていた。すなわち *tnaA* の欠損がカメムシと *Pantoea* の共生進化に重要である可能性が示された。

02C-02

Genomic divergence and the genetic architecture of phenotypic differences between sympatric fishes of *Oryzias* in Lake Poso
ポソ湖において同所的種分化したメダカ属魚類のゲノム分化および表現型分化の遺伝的基盤

○柿岡諒[1]，安齋賢[2]，田中理映子[3]，佐藤正祐[3]，北野潤[4]，木村亮介[5]，山平寿智[1]

[1]琉球大・熱生研，[2]京都大・院農，[3]東山動植物園，[4]遺伝研，[5]琉球大・医

インドネシアのスラウェシ島ではメダカ科魚類が適応放散をとげて多様化した．同島のポソ湖では，湖内に生息するメダカ属の3種，*Oryzias nebulosus*，*Oryzias orthognathus*，*Oryzias nigrimas* が同所的に種分化したと考えられている．さらに3種間には資源分割と同類交配が成立しており，これらが複合して3種の生殖隔離に寄与していると推察された．また近隣のティウ湖に生息する *Oryzias soerotoi* からの遺伝子流動も示唆されている．ポソ湖のメダカ属魚類は同所的種分化の研究に恰好の系であると考えられるものの，種分化を可能にした遺伝基盤など生殖隔離が進化した過程は不明である．本研究の目的は，集団ゲノム解析と量的遺伝子座（QTL）解析を行い，ポソ湖におけるメダカ属魚類ので起きた同所的種分化の進化メカニズムを明らかにすることである．これらをもとに，種間の歴史的な遺伝子流動や自然淘汰の痕跡のほか，生殖隔離に関与するとみられる表現型の種間差の遺伝基盤について議論する．

02C-03

Why a philosopher of language is interested in camouflage?
なぜ言語哲学者がカモフラージュに興味をもつのか。

○浅利みなと

都立大・大教センター/人文

人間は振る舞いや言語を介して様々な意味を伝達し合う。言語哲学者の主要な仕事の一つはこの意味の概念を分析することにある。そのアプローチの仕方にも多様な方法があるが，本発表では自然主義的な立場―動物の言語と人間の言語を連続的に捉える立場―から，動物のコミュニケーションの分析を土台として人間のコミュニケーションを分析するための有益な示唆を得ることを目指す。焦点を当てるのはカモフラージュである。動物シグナル理論の文脈では，カモフラージュはそもそも研究の対象から除外されるか，ベイツ型擬態と一緒くたに生物界における嘘として一般化されてきた。本発表ではどちらの見方も満足のいくものではないと主張する。その上で，情報理論を土台とした Skyrms (2010) のシグナル理論を援用することで，情報の遮断という観点からカモフラージュに新たな分析を与える。最後に，こうした考察が示唆する人間の言語使用の分析への応用にも触れる。

02C-04

Testing the intraspecific adaptation load hypothesis in an ant comunity
アリ群集における種内適応荷重理論のテスト

○辻和希[1]，山道真人[2]，植松潤平[3]

[1]琉球大・農，[2]国立遺伝研，[3]鹿児島大・院連合農学

種内環境への適応進化が結果として群集における多種安定共存をもたらすとする種内適応荷重理論をテストした．沖縄でバイオマス上最優勢であるトゲオオハリアリは多数のアリ種と共存している．安定同位体分析およびベイト実験は餌ニッチの種間重複を示唆した．本種のコロニーのデモグラフィーの詳細追跡の結果，ワーカーの生存率は採餌圏内同種他コロニー密度と有意な負の相関を示した．これは種内奴隷狩りへの対抗適応と考えられる巣近傍付近での同種非血縁者への強い攻撃性がもたらしたと考えられた．一方，ワーカーの出生率は採餌圏内の同種と他種ワーカー密度の両方に対し負の相関を示したが，これは餌をめぐる消費的競争の反映であると考えられた．全体として種内競争係数は種間競争係数の約5倍あると推定され，複数種個体群動態を記述した微分方程式のモデルでも優勢な種における顕著な干渉的種内競争が多種共存をもたらしうることが示唆された．

02C-05

Predicting ecosystem changes by a new model of ecosystem evolution
生態系進化モデルを用いて生態系変化を予測する

○吉田勝彦，畑憲治[2,3]，川上和人[4]，平舘俊太郎[5]，大澤剛士[6]，可知直毅[3]

[1]国立環境研・生物多様性，[2]日本大・商，[3]都立大・院理，[4]森林総研・鳥獣生態，[5]九州大・院農，[6]都立大・院都市環境

近年，現実の生態系変化の予測にシミュレーションを利用する試みが始まっているが，特に海洋島のように特殊な進化の歴史を持つような生態系では，進化過程を考慮にいれなければ正しい将来予測は出来ないのではないだろうか？そこで本研究では，海洋島生態系の進化過程を再現する新しい生態系モデルを開発し，小笠原諸島の媒島を対象として，原始状態を再現し，そこに外来種を侵入させ，さらに実際と同様に外来ヤギを駆除するシミュレーションを行った。その結果，外来ヤギを駆除しても森林が回復しない可能性が高いことが明らかとなった。回復しない生態系では進化の初期に成長率の大きな木本植物が定着し，それらが地中の栄養塩を大量に消費するために貧栄養状態になり，そのため，外来種の撹乱に耐えられずに多くの動植物が絶滅し，生態系のレジリエンスが失われた。このように，遠い過去の創始者効果が未来の生態系変化に影響を与える可能性が示唆された。

02C-06

QTL analysis for flower color differentiation between *Lotus japonicus* and *L. burttii*
ミヤコグサ *Lotus japonicus* と *L. burttii* の花色に対する QTL 解析

○番場大[1]，和久渉[1]，佐藤修正[1]

[1]東北大・院・生命

被子植物の花色は発生過程において複雑に制御されており，部位ごとに蓄積する色素が変化する。一方で，近縁種間における複数部位の花色分化過程については未だ不明瞭である。そこで，我々は花弁が黄色のマメ科植物ミヤコグサ (*Lotus japonicus*) と花弁が薄黄色で辺縁部が赤色となる近縁種 *L. burttii* の花色分化に着目した。本研究では両種間に作出された96系統の RILs を用いた QTL 解析より，花色関連遺伝子座の特定を試みた。その結果，花弁の黄色を説明する領域として3番染色体が検出され，辺縁部の赤色に関連する領域として2番染色体が検出された。これらの領域上にはそれぞれカロテノイドおよびアントシアニン合成に関わる遺伝子が存在していたことから，両遺伝子がそれぞれ独立に分化したことで花色多型が生じたことが示唆される。本集会ではその生態・進化的意義についても議論したい。

02C-07

Typhoon-induced Lammas growth promotes the non-dormant life-cycle of the Great Orange Tip butterfly Hebomoia glaucippe.

○小川浩太[1]，中溝航[2]，松浦優[3]，佐竹暁子[2]

[1]九州大・比文，[2]九州大・院理 ，[3]琉球大・熱生研

ツマベニチョウはアジアに広域分布している蝶であり，亜熱帯域の香港では食餌植物依存的に，分布北限域の九州では日長依存的に蛹休眠が誘導される。我々は本種の休眠刺激の移行帯にあたる琉球列島の個体群を用いて，休眠の日長応答性の進化プロセスの解明を目指している。これまでに，琉球列島南部の八重山個体群は休眠性を示さず沖縄島以北で段階的に休眠性を示すようになること，そして琉球列島南部では秋の台風でホストが落葉し，その後誘導される土用芽(ラマスシュート)を冬季の餌とすることで非休眠越冬を行うことを突き止めた。さらにこの土用芽の発生と利用がどれくらい普遍的で，生活史進化に寄与し得るのかを推定するため，10年分のチョウの観察記録と気象データを用い，因果推論を行ったので報告する。本発表ではこれらの結果を総合的に考察し，台風攪乱のような非周期的な気象現象が昆虫の生活史と分布にどのような影響を与えうるか議論したい。

02C-08

Frequency-dependent selection and ecological emergence in budding yeast
頻度依存的過程と多様性の生態的創発効果の整合性：出芽酵母を用いた検証

○高橋佑磨[1]，太田甫[2]，大谷一真[2]，松浦彰[1]，村上正志[1]

[1]千葉大・院・理，[2]千葉大・院・融

システム内の要素間の多様性とシステム全体の機能の相関関係は，「多様性-機能関係」として知られている。この関係は，遺伝的多様性と集団動態の関係にも当てはまる。一方で，理論的には，多様性の波及効果（多様性効果）の方向性や強さは，背景で働く選択圧に左右されることが示されている。本研究では，出芽酵母のガラクトース代謝に関する2つの表現型変異系統を用いて，選択圧と多様性効果の関係を検証することを目的に，ガラクトースとグルコースの濃度を変えた9通り培地で単独あるいは二つの系統を混合した集団を培養し，マイクロプレートリーダーを用いて個体数変化を観察した。その結果，負の頻度依存選択が検出された条件では個体群密度に対する正の多様性効果，正の頻度依存選択が検出された条件では負の多様性効果が認められた。これらの結果は，多様性に対する選択圧と個体群動態への波及効果との間に対応関係があることを示している。

02D-01Y

Optimal mode-switching strategies for prey capture in hybrid predator agents

○筒井和詩

名古屋大・情報学／高等研究院

Predatory pursuit and capture of prey have attracted the interest of many researchers due to their importance for survival, and a large amount of findings have been accumulated across a wide range of species. However, most of these studies have focused on steering during pursuit, namely, which direction to move in a given situation, and decisions on the magnitude of movement remain largely unexplored. Here, we developed a hybrid model that learns the optimal mode-switching strategy in a given environment by hierarchically integrating a well-known biological pursuit model into a deep reinforcement learning framework. The hierarchical agent enables us to investigate the association between optimal decisions on mode-switching, namely, rushing and stalking, during pursuit and the environmental constraints the individual faces. Our results show that the hybrid architecture is useful for examining the optimal balance between reward acquisition and travel costs for an individual in predator-prey interactions and is reminiscent of hunting behavior observed in large terrestrial mammals such as lions. This intriguing finding suggests that applying our hierarchical model to the diverse environments encountered by different animal species may provide thought-provoking insights into biology.

02D-02Y

SonicParanoid2: fast, accurate and comprehensive orthology inference with machine learning and language models
SonicParanoid2: 機械学習と言語モデルを用いた高速，高制度かつ網羅的オルソログ同定法

○コセンティーノ サルヴァトーレ，岩崎渉

東京大・院新領域・先端生命

The accurate inference of orthologous genes is a prerequisite for various genomic and evolutionary studies. SonicParanoid is one of the fastest tools for orthology inference. However, its scalability and accuracy are hampered by time-consuming all-versus-all alignments and proteins with complex domain architectures, respectively. Herein, we report an update to SonicParanoid, which involves the use of machine learning to overcome the abovementioned two limitations. Now SonicParanoid is up to 18X faster than comparable methods and the most accurate in the Quest for Orthologs benchmark.

O2D-03Y

Global connectivity and symbiosis of Palythoa hexacorals

○Maria E. A. Santos[1], James D. Reimer[2], Masaru Mizuyama[3], Hiroki Kise[3], Wee H. Boo[4], Akira Iguchi[3], ‘Ale’alani Dudoi[5], Robert Toonen[5], Marcelo V. Kitahara[6], Filip Husnik[1]

[1]OIST, [2]University of the Ryukyus, [3]National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, [4]Institut Perubahan Iklim, Universiti Kebangsaan, Malaysia, [5]Univeristy of Hawai’I, USA, [6]Federal University of Sao Paulo, Brazil

Biogeographical barriers led to speciation events in several groups of marine organisms. Although coral reefs are among the most diverse ecosystems on Earth, the influence of barriers to the dispersal of corals and their symbionts at large scales is not fully understood. We sampled the sibling hexacorals *Palythoa caribaeorum* (Atlantic Ocean) and *P. tuberculosa* (Indian/Pacific oceans) and used next-generation sequencing to reveal global patterns of coral connectivity and symbioses across the main biogeographical barriers for shallow-water coral reef organisms. Populations with the lowest connectivity will reveal the strongest biogeographical barriers to dispersal within and between ocean basins. Regarding symbiont diversity, our preliminary results showed that coral samples from Atlantic and Indian/Pacific have different bacterial and Symbiodiniaceae compositions. On the other hand, the same generalist lineage of Corallicolida was found associated with corals from the Atlantic and Indo-Pacific oceans. Additionally, stress-tolerant symbionts of Symbiodiniaceae were found associated with corals from the regions with the warmest seawater temperature and lowest pH seawater conditions. Such results will contribute to understanding the mechanisms that drive global biodiversity patterns, which is also crucial to forecast the outcome of ongoing environmental changes.

O2D-04Y

Hybrid speciation by sexual selection: a simulation study
性選択による雑種種分化：シミュレーションによる研究

○Kotaro Kagawa[1]

[1]遺伝研

Evolution of novel sexual displays and mate preferences (i.e., mating traits) can lead to speciation by causing reproductive isolation from the ancestral form. Yet, it remains unclear how novel mating traits can evolve despite that mutant mating traits mismatching with the ancestral form should generally reduce reproductive success in the ancestral population. Based on evolutionary simulations, here I propose that co-action of sexual selection and hybridization can promote the formation of a new hybrid species with novel mating traits. The simulation model assumes that females can gain direct fitness benefit by choosing healthy males. Evolutionary dynamics in this model can have multiple alternative stable states since arbitrary display traits that cannot be copied by unhealthy males can evolve to become exaggerated to advertise healthiness. Simulations show that hybridization between genetically diverged parental lineages that occupy the same stable state can cause the hybrid population to leave from the original stable state because hybridization can generate various novel mate preference and sexual display, thereby altering the sexual selection regime. This can trigger the subsequent evolution towards previously unoccupied new stable states, which leads to speciation. These results may offer plausible explanations for puzzling cases of non-ecological hybrid speciation and sexual radiation.

O2D-05Y

Temporary social parasitism in the ant Strumigenys mutica: colony composition and behavioral observation of a mixed colony with its host species Strumigenys solifontis and S. lewisi
ヌカウロコアリによるウロコアリ，オオウロコアリへの一時的社会寄生および混合コロニーの行動

○ Riou Mizuno[1,2], Chun-Chi Lin[3], Kunio Sadahiro[2], Ryota Hosokawa[2], Shogo Makita[2], Hiroki Matsumura[2], Fuminori Ito[2]

[1]OIST, [2]Faculty of Agriculture, Kagawa University, [3]National Changhua University of Education, Taiwan

Temporary social parasitism is known in several ant species. Queens of temporary social parasites invade a host ant colony, kill the host queen, and use the host workers as a workforce during the colony founding stage. We confirmed that the rare species *Strumigenys mutica* is a temporary social parasite of other *Strumigenys* species as *S. lewisi* and *S. solifontis*. We collected seven mixed colonies consisting of a *S. mutica* queen and its host species. In contrast, 14 mature pure *S. mutica* colonies included a *S. mutica* queen and mutica workers. The pure colonies were extremely large compared to other species of this genus (max approx. 5000 workers per colony). Queens of *S. mutica* have more ovarioles (11-17 in total) than those of other *Strumigenys* species. Behavioral observation of a mixed colony revealed that *S. mutica* was highly integrated with their host ants. The foragers of captive *S. mutica* colonies did not show the ambush hunting, which is the common hunting tactics of short-mandibulate *Strumigenys* species, and accepted general soil arthropods as prey. Therefore, we conclude that S. mutica is a temporary social parasite, showing a novel life history compared to other *Strumigenys* ants.

O2D-06Y

Environmental DNA meets evolution: systematic analysis on species realized thermal niches and their vulnerability to climate warming in ray-finned fishes
環境 DNA 解析×進化：硬骨魚類における生息温度と温暖化に対する脆弱性の俯瞰解析

○赤司寛志[1]，岩崎渉[1]

[1]東京大・院新領域

Trait evolution is one of the most important topics in evolutionary biology as traits are directly affected by evolutionary pressures at the interface between organisms and the changing environment. Unlike sequence data, it remains much more difficult to obtain trait data for diverse clades in a systematic way. Measurement of many traits involves laboratory studies of focal species that are often difficult to observe, capture, and/or transfer to the laboratory due to, for instance, its size, captivity conditions, or even conservation status. Recent advancements in environmental DNA (eDNA) technology would change this situation by allowing systematic acquisitions of distribution data that presumably reflect traits of various species. In this study, we systematically quantified the thermal habitats of 130 marine fishes surrounding the Japanese archipelago by using nationwide eDNA data by ANEMONE. While many species were revealed to inhabit close to their thermal tolerance limits, phylogenetic generalized least squares analysis indicated a significant phylogenetic signal on their thermal safety margins. These data suggest that species vulnerable to climate warming can be phylogenetically imputed. We envision that comprehensive eDNA data will provide a powerful tool for investigating trait evolution, such that systematic collection of sequence data has fundamentally impacted evolutionary studies.

02D-07Y

Sociogenetic structures of two parthenogenetic ants with contrasting modes of colony reproduction
単為生殖アリ2種におけるコロニー繁殖様式と社会遺伝構造

○Naoto Idogawa[1], Atsushi J. Nagano[2], Shigeto Dobata[3]

[1]Department of Biological Sciences, School of Science, Tokyo Metropolitan University, [2]Faculty of Agriculture, Ryukoku University, [3]Graduate School of Arts & Sciences, University of Tokyo

Social insects have two levels of reproductive systems: individual-level and colony-level. We compared sociogenetic structures of two ant species that both produce individuals parthenogenetically but adopt different modes of colony foundation. The analyses based on ddRADseq-derived SNPs showed clear genetic differentiation among nests in *Monomorium hiten*, where winged queens can establish new nests independently. In contrast, in *M. triviale*, which produces wingless queens, no genetic differentiation was detected. Additionally, in *M. triviale*, behavioral assays demonstrated low levels of aggression between workers from different nests, at least in the investigated population. These results suggest that *M. triviale* possesses unicoloniality, a social structure characterized by the absence of colony boundaries at the nest level, with the population composed of a single colony. Our study proposes an additional scenario for the evolution of social structure in ants: the combination of individual-level parthenogenesis and colony-level low dispersal ability results in unicoloniality.

02D-08Y

Trojan horse in Insect-Microbe symbiosis
昆虫-微生物共生系におけるトロイの木馬

○Kota Ishigami[1,2], Seonghan Jang[2,3], Aoba Yoshioka[4], Hiroyuki Morimura[2], Aya Yokota[5], Peter Maegart[5], Daisuke Nakane[4], Yoshitomo Kikuchi[1,2]

[1]Hokkaido University, [2]AIST, [3]KRIBB(Korea), [4]The University of Electro-Communications, [5]CNRS (France)

Many animals and plants have symbiotic microorganisms within their body and they interact intimately with each other. However, in mutualism, selfish symbionts, which derive benefits from the host and simultaneously cause harm, threat the evolutionary stability of mutualism. The bean bug *R. pedestris* (Heteroptera: Alydidae) harbors *Caballeronia* symbionts in the posterior midgut. The midgut of *R. pedestris* consists of four distinct sections called the M1, M2, M3, and the symbiotic organ M4, in which millions of *Caballeronia* symbionts are housed in the midgut crypts. The *R. pedestris* newly acquires the *Caballeronia* symbionts from the ambient soil every generation after hatching. To acquire the specific symbiont from complex soil microbiota, the *R. pedestris* have evolved to develop specialized symbiont selection mechanisms, sorting organ, immunity and competition between symbionts. However, in the *R. pedestris*-*Caballeronia* symbiosis, we discovered a lethal selfish symbiont that kills the host even though the symbiont is able to colonize and proliferate in the symbiotic organ same as the native symbiont, *Caballeronia*.

02E-01

Phylogenetic analysis of lysyl-tRNA synthetase and aspaltyl-tRNA synthetase
リジル tRNA 合成酵素とアスパルチル tRNA 合成酵素の分子系統解析

○木村円香, 赤沼哲史

早大・人科

生物がタンパク質合成を行う際，アミノアシル tRNA 合成酵素（ARS）によってアミノ酸と tRNA が対応づけられる。加えて，タンパク質合成に使われる20種類のアミノ酸に対してほぼ20種類の ARS が存在する。しかし，20種類全ての ARS が誕生する前は，少ない種類の ARS のみがタンパク質合成に関わっていた可能性がある。本研究では，近縁関係にあるリジンを認識する ARS（LysRS）とアスパラギン酸を認識する ARS（AspRS），およびアウトグループとしたグリシンを認識する ARS（GlyRS）の複合系統樹を作成した。さらに，LysRS の共通祖先と AspRS の共通祖先，LysRS と AspRS 両者の共通祖先アミノ酸配列を推定した。本発表では，得られた祖先配列を比較し，配列間の相同性や活性部位を構成するアミノ酸の比較について議論したい。

02E-02

Olfactory avoidance of toxic volatile electrophiles is mediated by a broadly tuned olfactory receptor in Drosophila

○松永光幸[1], Carolina E. Reisenman[2], 鈴木啓[2], David Tadrez[3], Matthieu Louis[3], Ramirez Santiago[4], Noah K Whiteman[2]

[1]東京大, [2]カリフォルニア大バークレー校, [3]カリフォルニア大サンタバーバラ校, [4]カリフォルニア大デイビス校

Plant-derived electrophilic toxins are detected in the diet of both fruit flies and humans by the pain receptor TrpA1, which initiates a contact-mediated aversion response. Here we report that another sensory modality, olfaction, is necessary for behavioral avoidance of these same electrophiles when volatilized. Exposure to volatile allyl ITC (AITC) killed all adults within ten minutes. We first screened electrophile-detecting-Odorant receptors (Ors) through exhaustive electrophysiology on the whole olfactory organs of D. melanogaster. Once candidates were identified, by Gal4/UAS heterologous expression of these Ors, we conducted a behavioral avoidance assay and found that this Or mediates aversion. Finally, we took advantage of the distantly related drosophilid fly Scaptomyza flava, which is a specialist herbivore of mustard plants. Because mustard plants release a variety of ITCs upon tissue damage, we hypothesized that the S. flava has evolved an expanded repertoire of these ITC-detecting Ors than D. melanogaster and other microbe-feeding relatives. Consistent with this, we found that orthologs of these Ors were are more broadly tuned to the diverse ITCs than in D. melanogaster. We conclude that insects perceive and avoid dangerous volatile electrophiles using the olfactory sensory modality.

02E-03

Evolutionary history of UGT genes involved in xenobiotic metabolism in mammals and birds and their relationship to plants
哺乳類・鳥類における異物代謝に関わるグルクロン酸抱合酵素（UGT）遺伝子の進化と植物の関わり

○川合佑典[1]，池中良徳[2,3]，生城真一[4]，西川美宇[4]，一色乃亜[1]，武田一貴[5]，中山翔太[2,6]，久保田彰[1]，石塚真由美[2]

[1]帯広畜産大・獣医，[2]北大・院獣医，[3]ノースウェスト大（南アフリカ），[4]富山県立大・工学，[5]北里大・獣医，[6]ザンビア大・獣医

グルクロン酸抱合酵素（UGT）は，脊椎動物の異物代謝においてグルクロン酸抱合反応を行っていることが知られており，食性と異物代謝を行うUGT遺伝子の数に関係があることが報告されている。本研究では哺乳類と鳥類の異物代謝に関わるUGT の進化史を明らかにすることを目的とし，ゲノム情報が公開されている哺乳類67種と鳥類43種を対象に，相同遺伝子探索，淘汰圧推定および立体構造予測を行い，鳥類 UGT については一部の化学物質に対する酵素活性を測定した。公開遺伝子配列の解析結果から哺乳類，鳥類ともに UGT1ファミリーは植物由来化学物質が淘汰圧となってきたこと，哺乳類では UGT2ファミリーも植物由来化学物質が淘汰圧となり，タンパク質立体構造も植物由来化学物質による影響を受けている一方で，鳥類では UGT2ファミリーは植物由来化学物質の代謝が主たる機能でなかったことが示唆された。

02E-04

Visual adaptation to deep Antarctic Ocean in Notothenia species
ノトセニア亜目における南極海の深場への視覚適応

○長田美沙，大田竜也，寺井洋平

総合研究大学院大・先導科学

ノトセニア亜目は南極海およびその周辺海域に生息する，極限の寒冷環境に適応した魚類である。本研究では南極海の幅広い深度に生息するノトセニア亜目の視覚の適応機構を明らかにすることを目的とし，薄明視を担う稈体オプシンのRH1に着目して研究を実施した。初めにノトセニア亜目29種の RH1配列について系統樹を作成し，種間で異なるアミノ酸置換とそれらが起きた時期を推定した。その結果，種間で異なるアミノ酸置換は15サイトあり，そのうち3サイトはブルーシフトを起こすことが知られる置換であった。3サイトの置換は深海に生息する複数種の共通祖先で起きたものと，深海とは関係なく特定の種でも起きたものとがあった。RH1の配列をもとにRH1視物質を再構築し吸収波長を測定したところ，吸収波長が短波長側にシフトしていた。これらの結果から，ノトセニア亜目は深海だけではなく南極海特有の様々な生息環境に適応する過程で視覚を多様化させたと考察できる。

02E-05

How the local positive natural selection affects human genome evolution? － Using CYP1A2 gene polymorphisms as an example-
地域特異的な自然選択のヒトゲノム進化への影響―CYP1A2の遺伝的多型を例として―

○知久彩楓[1]，颯田葉子[1,2]，五條堀淳[1,2]

[1]総研大・先導研，[2]総研大・統合進化科学研究センター

ヒトの *CYP1A2*遺伝子はカフェインの代謝酵素で，ヒトの肝臓のみで発現することが知られている。*CYP1A2*の遺伝的な多型は個人間・地域間で広く多様であるが，その多型の進化的背景について詳細な検討がされていない。そのため，本研究では各集団で *CYP1A2*の多型には正の自然選択がはたらいているのかを明らかにすることを目的とした。1KGP の26集団，2504個体から，*CYP1A2*領域の215個の SNP を用いて PCA と F_{ST} の算出から検討を行った。PCA の結果から，*CYP1A2*の多型は多くの集団において地域特異性は顕著ではないが，一部の集団では他集団よりも大きく離れていることが確認された。一方，ポジションごとの F_{ST} の値に差が確認されたことから，特定の SNP で地域特異性が観察されることが示された。これらの PCA と F_{ST} の結果から，特徴的な集団とポジションについて詳細な解析を行い，*CYP1A2*の多型には正の自然選択がはたらいているのか検討する。

02E-06

Centromere repositioning underlies karyotype evolution in *Oryzias* fishes
メダカ属魚類の核型進化におけるセントロメア再配置

○安齋賢[1]，北野潤[2]

[1]京都大・院農，[2]遺伝研・生態遺伝

核型（染色体の数と形）の変化は，組換えパターンや遺伝子発現を変化させ，時に祖先的な核型を持つ集団との生殖隔離の原因となることから，種分化や適応進化における重要な事象の1つである。メダカ属魚類には，核型の異なる3つの系統群，中部動原体型染色体を多く有し腕数の多い両腕染色体グループ，端部動原体型を中心として腕数の少ない単腕染色体グループ，染色体融合により染色体数が減少した染色体融合グループ，の存在が知られている。本研究では，これらの代表種であるミナミメダカ，ジャワメダカ，セレベスメダカを対象としたゲノム解析から，そのセントロメア部位を比較した。その結果，メダカ科魚類の核型進化において，染色体の分裂・融合や逆位よりも，セントロメアの再配置が重要な役割を果たすことを見出した。この結果は，種間の核型進化におけるセントロメア再配置の重要性を示唆している。

02E-07

Metagenomic analysis of stomach contents reveals the feeding habits of nudibranch
胃内容物のメタゲノム解析からウミウシ類の食性を探る

○山田優佳[1], 寺井洋平[2]

[1]総研大・先導研, [2]総研大・統合進化科学研究センター

ウミウシ類は，派手，隠蔽的，もしくはそれらの中間的な体色などを進化させてきた。派手な体色の一部の種では刺胞動物を食べてその刺胞を生体防御に用いることが知られている。多くのウミウシ類は専食が推定されているが，ほとんどの種の食性は不明であり，そのため，食性と生体防御，警告色としての体色の進化の関係は明らかにされていない。本研究ではウミウシ類の食性から，生体防御と体色の進化の関係を明らかにすることを目的としている。三浦半島で採取したウミウシ類6種について，胃内容物から DNA を抽出して次世代シークエンサーにより配列を決定し，配列のアッセンブルを行った。アッセンブルした配列のカバレージから配列を大別して相同性検索を行った。その結果，複数個体解析したクモガタウミウシでは個体ごとに異なったバクテリアを採餌しており，ベントス食である可能性が示された。他のウミウシの種についても食性を報告する予定である。

02E-08

Population genome analysis of Toxoplasma gondii isolated from an island in Southern Japan identifies unknown ancestral lineages linking T. gondii in East Asia and the Americas

○猪原史成[1], 喜屋武尚子[2], 高島康弘[3], 小野文子[4], 林慶[4], 松尾智英[5], 五十嵐慎[6], 西川義文[6], 山内貴義[7], 関まどか[7], 福本晋也[6], 佐々木基樹[8], 筏井宏美[9], 草木迫浩大[9], 尾針由真[10], 吉田彩子[11], 笹井美和[1], 山本雅裕[1]

[1]大阪大・微研, [2]沖縄県・衛生研, [3]岐阜大・応用生命, [4]岡山理大・獣医, [5]鹿児島大・獣医, [6]帯畜大・原虫研, [7]岩手大・農学, [8]帯畜大・獣医, [9]北里大・獣医, [10]北大・人獣, [11]宮崎大・獣医

世界的な病原体である *Toxoplasma gondii* は，例外的に高度に組換えられ遺伝的多様性に富むラテンアメリカ以外では，比較的少数の系統からなるクローン性集団構造を持つとされる。近年，アジアを除く地域では多くの株の塩基配列が決定されその集団構造が知られつつある。本研究は，日本から分離された8株のゲノムを世界の46株のゲノムに組み込んだ，アジア初の集団ゲノミクス研究を報告する。ゲノムワイド混血解析の結果，これまでハプログループ（HG）2に分類されていた日本の主要集団は，中国で流行する HG13との混血を示した。沖縄で分離された株は，ラテンアメリカで発見された HG15と近縁性を示した。さらに，この株と HG2との交配により強毒性の株が出現した。祖先解析は沖縄で分離された *T. gondii* から，遺伝的に多様な南米の集団では痕跡にすぎない祖先の系統を推定した。本研究はアジアとアメリカ大陸の *T. gondii* のつながりを示し，この病原体の伝播の歴史の一端を明らかとした。

02F-01Y

Decoding Japanese genetic architecture by whole-genome sequencing

○Xiaoxi Liu[1], Satoshi Koyama[1,2,3], Kohei Tomizuka[1], Sadaaki Takata[1], Yuki Ishikawa[1], Shuji Ito[1,4], Shunichi Kosugi[1], Kunihiko Suzuki[1], Keiko Hikino[1], Yoshinao Koike[1,5], Momoko Horikoshi[1], Shiro Ikegawa[1,5], Kochi Matsuda[6], Yukihide Momozawa[1], Kaoru Ito[1], Yoichiro Kamatani[6], Chikashi Terao[1,7,8]

[1]RIKEN, [2]Broad Institute, USA. [3]Massachusetts General Hospital, USA. [4]Shimane University, [5]Hokkaido University, [6]The University of Tokyo, [7]Shizuoka General Hospital, [8]University of Shizuoka

We generated the Japanese Encyclopedia of Whole/Exome sequencing Library (JEWEL), a high-depth whole-genome sequencing (WGS) dataset of 3,256 individuals collected across Japan. The analysis of this dataset reveals genetic characteristics of the Japanese population that were not discernible using array data. First, the rare variant-based analysis revealed a fine-scale genetic structure among the Japanese. Second, we identified novel population-specific loss-of-function variants (LoFs) and further observed a number of LoFs were enriched in specific transcripts for a subset of genes even if they had low Loss-of-function Observed/Expected Upper-bound Fraction (LOEUF) scores, *PTPRD*, an immune-related gene, as a plausible example. Third, we identified 44 archaic segments that were significantly associated with complex traits and the majority were specific to East Asian. Fourth, we identified genetic loci under the pressure of natural selection in this population. Collectively, our work provided new insights into genetic characteristics of the Japanese population.

02F-02Y

Analysis of the anhydrobiotic mechanism through shotgun proteomics of tardigrade mitochondria
ショットガンプロテオミクスを用いたクマムシミトコンドリアの乾燥耐性機構の解析

○田中冴[1,2], 秦裕子[3], 木嶋-田中順子[4], 三輪佳宏[4], 尾山大明[3], 國枝武和[5]

[1]NINS ExCELLS, [2]慶應大・IAB, [3]東大・医科研, [4]理研・BRC, [5]東大・院理

Water is essential for all living organisms; however, some organisms, including tardigrades, withstand environmental desiccation by entering a dehydrated ametabolic state known as anhydrobiosis. Despite the completion of tardigrade genomes in several species, the specific mechanisms that protect biomolecules from denaturation during anhydrobiosis are not fully understood. In this study, we focused our attention on tardigrade mitochondria, which share close genomic and structural similarities with other animal mitochondria, but possess a unique feature - the acquisition of the ability to undergo anhydrobiosis. To unravel this intricate and elusive mechanism, we performed shotgun proteomics on the tardigrade mitochondrial fraction. Our analysis identified 711 proteins as preferential to the mitochondrial fraction. Notably, two of these proteins were potentially acquired via horizontal gene transfer during evolution in the lineage to the tardigrade. Both of them improved hyperosmotic tolerance of human cultured cells by heterologous expression. These findings suggest the occurrence of horizontal gene transfer or the evolution of proteins similar to those found in extremophilic organisms, facilitating the acquisition of anhydrobiosis in tardigrade mitochondria. By highlighting the central role of tardigrade mitochondria in this unique adaptation, our study contributes to a deeper understanding of anhydrobiosis and its evolutionary implications.

02F-03Y

Parallel evolution of vision during the transition from nocturnal to diurnal hawkmoths
夜行性から昼行性への移行に伴うスズメガの視覚の平行進化

○Tokiho Akiyama[1,2], Hironobu Uchiyama[3], Shunsuke Yajima[3], Kentaro Arikawa[1], Yohey Terai[1]

[1]The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI, [2]Kitasato University School of Medicine, [3]Tokyo University of Agriculture

The transition from nocturnal to diurnal ecology has repeatedly happened throughout evolution in many animals, e.g., primates and butterflies. However, the effect on vision by the recent transitions among closely related species is poorly understood. The hawkmoth family (Lepidoptera: Sphingidae) is an ideal group to examine such an effect because it includes multiple nocturnal and diurnal genera. We thus collected five nocturnal and five diurnal species and sequenced RNAs from their eyes. All ten species possessed three opsin genes (ultraviolet: UV, short-wave: SW, long-wave: LW). Not only the gene number, but also the opsin gene expression patterns were conservative among species. The species tree showed the diurnal lineages had independently emerged at least thrice, but in SW and LW opsin trees diurnal opsins formed monophyletic groups. We found an excess number of parallel amino acid substitutions, suggesting positive selection acted on diurnal opsins. We also predicted about 20 nm reduced separation between short- and long-wavelength sensitivity peaks of the visual pigments in diurnal species based on the electrophysiological measurements of the compound eye's spectral sensitivities. Our findings suggest that the parallel evolution of opsins may have enhanced the color discrimination abilities of diurnal hawkmoths to adapt to the daylight environment.

02F-04Y

Elucidating mechanisms of the emergence of acquired anti-cancer drug resistance in lung cancer.

○瀬戸陽介[1], 藤田直也[2], 片山量平[1]

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

Lung cancer is the leading cause of cancer death in the world. Activating mutation of epidermal growth factor receptor (EGFR) which induces constitutive activation of EGFR signaling pathway is a major oncogenic driver mutation of lung cancers. Inhibitors against EGFR tyrosine kinase (EGFR-TKIs) dramatically improved the prognosis of EGFR mutation-positive lung cancer. However, acquired resistance after the initial clinical response is widely observed. For example, a drug-resistance mutation (e.g., T790M) which occurs in EGFR is one of the acquired drug resistance mechanisms. Because the T790M resistance mutation is newly emerged in initially T790M-negative drug-tolerant cancer cells, the presence of drug-tolerant cancer cells is a very serious problem in cancer therapy. Therefore, it is important to elucidate the process of the emergence of resistance mutations in drug-tolerant cancer cells. In this study, to elucidate the process of the emergence of EGFR-TKI resistance during cancer therapy, we used primary and relapsed cancer cells derived from the same EGFR mutation-positive lung cancer patient. Our study revealed that cell cycle arrest and anti-apoptosis response were induced by EGFR-TKI treatment. Furthermore, we found a specific mutational pattern leading to the emergence of the T790M mutation in the relapsed cancer cells.

02F-05Y

Functional differentiation of food-related olfactory receptor V2R in cichlid
シクリッドにおける食物関連嗅覚受容体 V2R の機能分化

○河村理輝, 二階堂雅人

東工大・生命理工学院

Cichlids, which belong to one of the largest groups of teleosts, have undergone remarkable diversification in a short period through adaptive radiation. For that reason, cichlids are well known as model organisms for speciation. Due to the great diversity in the nuptial coloration of males, visual senses were kept focused in cichlid speciation studies. On the other hand, diversification in olfaction has also been reported in cichlids. Previously, we demonstrated that cichlid have expanded the copy numbers of vomeronasal type-2 receptors (V2Rs) which are indicated to detect food odors and alarm substances in teleosts. This suggests the contribution of V2R receptors to the diversification of cichlid. In this study, we aim to elucidate the origins of V2R diversification and ligand differentiation in cichlids through phylogenetic analysis, selection pressure analysis, and functional analysis employing the c-fos neuroactivity assay.

02F-06Y

Genomic, transcriptomic, and proteomic approaches toward understanding mitochondrial genome evolution in the common tree frog, *Polypedates leucomystax*
シロアゴガエルミトコンドリアゲノム進化の背景をゲノム・トランスクリプトーム・プロテオームから紐解く

○Yuuri Yasuoka, Yasushi Okazaki

RIKEN IMS

The mitochondrial genome (Mito-genome) of almost all bilaterian animals encodes 37 genes (13 proteins, 2 rRNAs, and 22 tRNAs). However, why this gene repertoire has been ultra-conserved for over 500 million years remains unsolved. To obtain clues to solving the mystery of Mito-genome evolution, here we focus on the common tree frog, Polypedates leucomystax, of which Mito-genome have lost the sequence encoding an ultra-conserved motif of Atp8. This frog is the only vertebrate reported to have lost the *atp8* gene and is designated as an invasive alien species spreading in the Ryukyu islands. We obtained larval samples from exterminators and performed genomic, transcriptomic, and proteomic analyses. The RNA-seq data revealed that the *Polypedates atp8* gene was indeed transcribed. Homology searches to genome and transcriptome assemblies suggested that the *atp8* gene had not migrated to the nuclear genome. Presence of *Polypedates* Atp8 protein in the functional respiratory chain complex V (ATP synthase) was experimentally validated using blue-native PAGE and label-free quantitative mass spectrometry. These results indicate that the apparently abnormal Atp8 protein functions normally in mitochondria of *Polypedates* cells. To further infer the functional background of the *Polypedates atp8* gene evolution, we are now conducting experiments using Xenopus embryos and human disease cells.

02F-07Y

Investigation of evolutionary features of selection target haplotype in the Japanese

○岩﨑理紗[1], 颯田葉子[1]

[1]総研大・統合進化

We found signatures of positive selection in humans at a locus of PSCA associated with gastric cancer. Major three haplotypes, TCA, CCA and CAG has been derived from standing variation and they were shared among world-wide human populations in the 1000 Genomes Project. Among the three, CCA and CAG were positively selected simultaneously in Asian and African populations, respectively. Analyses of selection signals, onset ages, and a phylogenic analysis suggested that an "adaptive" target haplotype has changed multiply throughout human history. It suggests that human populations have respond multiple environmental change dynamically. This pattern is different from other cases of target haplotypes emerged from standing variation: *KITLG*, in which a common haplotype is adaptive among distinct populations, or *SLC30A9*, in which each population has each specific target haplotypes. To examine how common the observed type of selection in our study is, we start the analyses for the Japanese. Of top 15 loci which shows extremely highly differentiation between the Japanese and Han Chinese in Beijing by using genome-wide F_{ST} values, we detect two loci which have signatures of positive selection in the Japanese and further discuss their evolutionary features.

02F-08Y

Gene flows between Sulawesi macaque species with geographically continuous distribution

○荒川那海[1], Kanthi Arum Widayati[2], Xiaochan Yan[3], 今井啓雄[3], Bambang Suryobroto[2], 寺井洋平[1]

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

The Sulawesi macaques are endemic to the Sulawesi island (Indonesia) and have differentiated into seven morphologically distinct species in their respective allopatric habitats. Their hybrid individuals have been reported in the border zones of their habitats. We previously showed gene flows between five Sulawesi macaque species with neighboring habitats. In this study, we focused on the other two species, *M. ochreata* and *M. brunnescens*. We determined exome sequences for Sulawesi macaque species and extracted SNPs for genetic analyses. PCA clarified the genetic differentiation of seven Sulawesi macaque species. The gene flow between *M. ochreata* and their geographically adjacent species, *M. tonkeana*, was detected using Patterson's D statistic based on the phylogeny we constructed. A *M. ochreata* individual with a habitat near the boundary showed a higher affinity with *M. tonkeana* than the others, indicating a recent or ongoing gene flow between the two species. In contrast, gene flow between *M. brunnescens*, the species separated from the other Sulawesi macaque species by the sea, and their geographically closest species, *M. ochreata*, was under detection limits. We are exploring the mechanisms that keep genetic differentiation in Sulawesi macaque species with geographically continuous distribution despite the gene flows.

P-001Y

Biosynthesis pathway of cyanogenic glycoside and its convergent evolution in Lepidoptera and plants
鱗翅目と植物における青酸配糖体生合成経路とその収斂進化

○石田響子[1], 牧野能士[2]

[1]東北大・理・生物, [2]東北大・院生命

一部の鱗翅目昆虫と植物は進化の過程で独立に青酸配糖体の生合成経路を獲得した。これまでに，青酸配糖体は鱗翅目と植物の両方で2種類の P450 と1種類の UGT が関与する一連の反応によって生合成されることが明らかにされてきた一方で，どのようなアミノ酸置換により同様の反応を触媒するように進化したのかは未だ不明である。本研究では，青酸配糖体生合成を行うことが確認されている種の酵素のアミノ酸配列や立体構造の比較，および酵素と基質のドッキングシミュレーションを行い，青酸配糖体生合成において重要なアミノ酸座位の探索を行った。生合成を行う鱗翅目昆虫と植物とで共通したいくつかのアミノ酸残基が見つかり，これらのアミノ酸が酵素活性を変化させると考えている。発表では解析結果の詳細を報告し，アミノ酸変異の影響や他の鱗翅目種における青酸配糖体生合成の可能性について議論したい。

P-002Y

Exploration of Human-Specific Gene Expression Induced by Transcriptional Activity of Transposable Elements in the 3D Genome Structure
トランスポゾン転写によって形成されたヒト特異的な遺伝子発現をもたらすゲノム立体構造の探索

○渡邊峰[1], 牧野能士[2]

[1]東北大・理・生物, [2]東北大・院生命

Topologically Associating Domain(TAD)とは長距離相互作用を介して遺伝子の発現を制御するクロマチンの折り畳み構造のことである。TAD の変化は遺伝子の発現パターンを変え，ひいては表現型の違いにつながると考えられている。2019年の研究では特定のトランスポゾン(TE) の TAD 境界での転写が一部の TAD を作り出すことが示された。このように，新しい TAD 形成のメカニズムが提案されたが，TE 転写による TAD の形成が進化に与えた影響は解明されていない。そこで，我々は TE のヒト特異的な転写による TAD の形成がヒトで特異的な遺伝子発現制御に寄与したとの仮説を立てた。本研究では，TE の転写により形成されたヒト特異的 TAD の同定を目的として，霊長類の TAD および TE 発現データを用いた比較解析を行った。そして，候補となった TAD に対してその制御下にある遺伝子群の発現量を種間で比較した。本発表では得られた結果に基づいて，ゲノム立体構造の観点からヒトの表現型をもたらしたゲノム基盤について議論したい。

P-003Y

Evolutionary mechanism of bow-tie architecture in intracellular molecular network.
細胞内分子ネットワークにおける bow-tie 構造の進化原理

○伊藤冬馬[1], 近藤洋平[1], 青木一洋[1], 斉藤稔[2]

[1]基生研・総研大・ExCELLS, [2]広大・ExCELLS

Many biological networks, including gene regulatory networks or signaling networks, exhibit characteristic hierarchical structure known as bow-tie, which consists from a narrow middle layer, multiple inputs and outputs. Such architectures are widely seen in the molecular networks within a cell, suggesting that a universal evolutionary mechanism underlies the emergence of bow-tie architecture. The previous simulation studies proposed that the bow-tie architecture emerges when the ideal outputs are redundant and mutations in network link strength are multiplicative manner. Our dynamical analysis clarifies the mathematical mechanism of the bow-tie evolution suggested in the previous studies. Based on the mathematically obtained conditions for the bow-tie evolution, we newly report that environmental fluctuation enhances the bow-tie emergence, regardless of the redundancy of an ideal goal, when the link intensities representing molecular interactions are small at the initial condition of the evolutionary simulation. Further, we demonstrate that the increase in the number of inputs and outputs facilitates the emergence of bow-tie architecture even when starting from strong network links. Our data suggest that bow-tie architecture emerges as a side effect of evolution rather than a result of evolutionary adaptation.

P-004Y

Exploring genetic changes related to lifespan evolution associated with the acquisition of flight
飛翔の獲得にともなう寿命の進化に関わる遺伝的変化の探索

○松田優樹[1], 牧野能士[1]

[1]東北大・院・生命

Birds and bats with the ability to fly, many species have longer life spans than non-flying species of similar body size. Longer-lived species are thought to experience selection pressure on genes and pathways involved in long-term survival, such as DNA repair and cancer suppression. While many studies have shown that the acquisition of flight shapes interspecific differences in longevity, it is not clear what genetic changes have occurred with the increase in longevity of flying species. In this study, we searched for longevity-related genes that show characteristic evolutionary patterns and/or convergent amino acid substitutions in flying species with the aim of identifying genetic changes associated with longevity in flying species. We found several genes exhibit different evolutionary rates in avian and bat lineages. We also identified several genes that exhibit convergent amino acid substitutions in the ancestors of both birds and bats. In the presentation, we will discuss the association of the genes identified in this study with the evolution of lifespan.

P-005Y

Function of B chromosome and relationship with sex chromosome evolution in *Drosophila asahinai*
アサヒナショウジョウバエにおける B 染色体の機能および性染色体との関連

○唐木書子[1], 野澤昌文[1,2]

[1]東京都立大・院理・生命科学, [2]東京都立大・生命情報研究センター

B 染色体とはメンデルの法則に従わず個体や細胞によって数が異なる染色体のことである。長らく機能を持たないとされてきた B 染色体だが, 近年では性決定や性比に関与している可能性が報告されている。我々はアサヒナショウジョウバエも B 染色体を持つことを発見した。本種の B 染色体と Y 染色体は大きさや形がよく似ていること, ショウジョウバエ属では Y 染色体の起源が B 染色体である可能性があることから, 本研究ではアサヒナショウジョウバエにおける B 染色体の機能解明, さらに B 染色体と Y 染色体との進化的関連の解明を目指している。これまでにB染色体有メスと無メスのゲノム比較から候補 B 染色体配列を約1.12Mb, 同様の方法で候補 Y 染色体配列を約1.07Mb 同定した。また RNA-seq を行い, 候補 B 染色体と候補 Y 染色体上にそれぞれ27個, 14個の発現遺伝子を同定した。現在, 同定した B 染色体と Y 染色体の配列比較を行い, 両染色体の進化的関連について検討している。

P-006Y

Search for the female determinant factors in the termite *Reticulitermes speratus*

○當房睦明, 藤原克斗, 林良信, 宮崎智史, 前川清人

[1]富山大・院理工, [2]富山大・院理工, [3]慶應大・生物, 玉川大・院農

真社会性昆虫のシロアリでは, 性的形質の発達がカーストによって適宜調節される必要がある。一般に昆虫の性的形質は性決定遺伝子群によって制御されるが, シロアリでは性決定遺伝子の一つである *doublesex* は数種で同定され, 雄のみで発現することしかわかっておらず, 雌分化の仕組みは全くわかっていない。そこで, 単為生殖能をもつヤマトシロアリ *Reticuliterms speratus* を用い, 雌分化因子の探索を試みた。産卵後1週間以内の有性生殖胚 (雌雄含む)と単為生殖胚 (雌のみ) の RNA-seq を行った結果, 後者で高発現する転写因子またはスプライシング制御因子のドメインを持つ35個の遺伝子が見つかった。それらには, ショウジョウバエでスプライシング制御に働く性決定遺伝子のホモログも含まれていた。本発表では, 各遺伝子の胚発生期の発現解析の結果を元に, シロアリの雌分化の仕組みを考察する予定である。

P-007Y

Species comparison of the single-cell transcriptome of Drosophila brain
ショウジョウバエの全脳シングルセルトランスクリプトームの種間比較

○中村有紀子[1], 大橋拓朗[1], 山腰春奈[1], 重信秀治[2], 上川内あづさ[1], 石川由希[1]

[1]名古屋大・院理, [2]基礎生物学研究所

行動進化の背景には, 行動の制御を担う神経システムの変化があるはずである。この変化は, 神経システムの構成要素である神経細胞を種間比較することで調べることができると考えられる。近縁種であるキイロショウジョウバエとオナジショウジョウバエは, 解剖学的な脳の構造は類似している一方, 求愛歌やフェロモンに関わる配偶者選好性や性行動は異なることから, 神経システムに違いがあることが示唆される。本研究では, 両種の脳のシングルセル RNA-seq を行い, 行動進化に寄与しうる種間差を探索した。両種のトランスクリプトームデータを解析したところ, 両種で相同と考えられる神経細胞の集団が見つかった。また, 相同と考えられる神経細胞の集団において, 遺伝子発現量に種間差のある遺伝子が見つかった。今後は, より多くの細胞種で遺伝子発現量比較を行い, 両種でどのような遺伝子発現が共通し, あるいは違いがあるのかを調べる予定である。

P-008Y

Genomic analysis of population structure in Japanese *Arabidopsis halleri*
集団ゲノム解析からみたハクサンハタザオの日本列島における集団構造と進化史

○須田崚[1], 久保田渉誠[2], 森長真一[3], 土松隆志[1]

[1]東大・理・生物, [2]ファスマック, [3]帝京科学大・生命環境

気候の多様な日本列島において広範に分布する植物の表現型進化をゲノムレベルから解析することは, 局所適応のメカニズムを理解するための有効な手段となる。ハクサンハタザオは北海道から九州にかけての山地に分布し, モデル植物シロイヌナズナの近縁種であるため, 局所適応の遺伝的背景を解析するのに適した種である。ハクサンハタザオの野外集団では様々な形態的, 生態的変異が報告されており, 局所環境への適応が示唆されている。広域に由来するゲノム情報に基づく集団構造解析や進化史の推定は適応研究の重要な基盤となる。本研究では北海道・本州・九州に分布する142の野生集団由来の全ゲノムリシーケンスデータを用い, 日本における本種の進化過程を明らかにすることを目指した。本発表では集団ゲノム解析から示唆された集団構造と分集団の進化過程について報告し, 局所適応研究に向けた今後の展望を議論する。

P-009Y

Assessing inbreeding depression in captive bred endangered plants by detecting deleterious mutations
有害変異の検出によって飼育下で繁殖した絶滅危惧植物の近交弱勢を評価する

○新中健斗[1], 牧野能士[1]

[1]東北大・院生命

絶滅危惧植物の個体数回復には，植物園で行う飼育下繁殖が有効である。飼育下で繁殖できる絶滅危惧植物の個体数は限られるため，近親交配による近交弱勢が起こる。このような近交弱勢は，野外で低頻度なためヘテロ接合だった潜性有害変異が，近親交配によってホモ接合化して表現型に現れる。しかし，こうした有害変異のホモ接合化を解析した近交弱勢の評価は十分に行われていない。そこで本研究では，2種の絶滅危惧植物オオハマギキョウとタイワンルリソウを対象に，発現遺伝子中の有害一塩基変異(有害SNV)を個体毎に同定し，その数やホモ接合性を野生集団と飼育集団で比較した。その結果，自殖するタイワンルリソウでは集団間の差は確認されなかったが，他殖するオオハマギキョウでは飼育集団における有害 SNV のホモ接合な割合が高かった。オオハマギキョウの結果は，飼育集団で有害変異のホモ接合性が高まり，近交弱勢が進んだことを示唆している。

P-010Y

Exploring the Molecular Mechanisms of Human Acclimatization to High-Altitude through Differential Gene Expression Induced by Hypobaric Hypoxic Environments
低圧低酸素環境で誘導される発現変動遺伝子から探るヒト高地順化の分子メカニズム

○林瑞生[1], 西村貴孝[2], 中山一大[3], 有馬弘晃[4], 太田博樹[5], 小川元之[1,6], 勝村啓史[1,6]

[1]北里大・院医療, [2]九州大・院芸術工, [3]東大・院新領域, [4]長崎大・熱帯医, [5]東大・院理, [6]北里大・医

高地環境では低地に比べ大気圧が低く，肺胞内の酸素分圧低下による体内酸素濃度低下が起こる．低地に住むヒトが高地に行くと，高山病を発症するなど生命活動に大きな影響を与える現象が起こる．しかしながら，高地環境に繰り返し曝露されると，血中酸素飽和度が回復するなど生理的反応（高地順化）が起こることが知られている．順化は個体内の生理的機能の変化であることから塩基配列上の変異ではなく，遺伝子発現の変動に因ると考えられるが，その分子メカニズムの詳細は不明である．そこで本研究では人工環境によりヒトを低圧曝露し，変動する遺伝子発現パターンから順化メカニズムを探索することとした．健康な成人男性を対象とし，低圧曝露前後の生理データの測定，及び末梢血中 mRNA-Seq による網羅的発現遺伝子の定量を行った．本発表では，低圧低酸素環境下における生理的変化と発現変動遺伝子群から推測される高地順化のメカニズムを報告する．

P-011Y

Evolutionary trajectory of Y chromosome loss in *Drosophila* ~ translocations and gains of Y-linked genes
ショウジョウバエにおける Y 染色体消失過程の解明～Y 染色体遺伝子の転座と獲得に着目して

○佐藤伶圭[1], 小川雅文[1], 小川佳孝[1], 野澤昌文[1,2]

[1]都立大・院理・生命科学, [2]都立大・生命情報研究センター

XY 型の性決定をする多くの種において，Y 染色体は有害変異を蓄積し退化している。一方，Y 染色体には性決定や妊性に関わる遺伝子が存在するため，通常完全には消失し得ない。しかし我々は *Drosophila lacteicornis*（ヒゲジロショウジョウバエ）に Y 染色体有無の多型が存在し，Y 染色体を持たないオスにも妊性があることを発見した。Dupim ら（2018 *PLOS Genet*）によると，*D. melanogaster* の Y 染色体上の遺伝子の多くは本種において常／X 染色体に存在することが明らかにされており，Y 染色体消失との関連が示唆される。そこで本研究では本種における Y 染色体消失過程を解明するため，近縁種を含めた9種のゲノムとトランスクリプトーム配列を決定した。本発表では，主に *D. lacteicornis* における Y 染色体上遺伝子の転座や常染色体から Y 染色体への重複遺伝子について報告する。

P-012Y

Allelic disruption of umami taste receptor gene TAS1R1 in a non-insectivorous strepsirrhine primate, potto

○Qinyuan Ji[1], Min Hou[1], Muhammad S. Akhtar[1], Takashi Hayakawa[2], Amanda D. Melin[3] and Shoji Kawamura[1]

[1]Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, [2]Faculty of Environmental Earth Science, Hokkaido University, [3]Department of Anthropology and Archaeology, Department of Medical Genetics, University of Calgary

A primate Suborder Strepsirrhini is comprised of two Infraorders Lemuriformes (lemurs) and Lorisiformes (galagos and lorises) with varied diets. A previous study revealed that the ancestral type of primate umami taste receptor TAS1R1/TAS1R3 heterodimer was sensitive to nucleotides of insects on which many of small-bodied primates, such as strepsirrhines, are dependent as a main food source. While whole-genome sequence (WGS) databases of strepsirrhine primates have been made publicly available, their assemblage remains concerned and the only one of two allelic sequences are provided. We employed the targeted capture specifically probing the TAS1R genes, TAS1R1, TAS1R2, and TAS1R3, followed by the short-read massive-parallel sequencing for one individual each of nine Strepsirrhini species (four lemurs: *Lemur catta*, *Eulemur macaco*, *E.fulvus*, *Varecia variegate*; two galagos: *Otolemur crassicaudatus*, *Galago senegalensis*; three lorises: *Nycticebus pygmaeus*, *N. coucang*, *Perodicticus potto*). With our high-depth sequencing, we found that the potto's TAS1R1 was heterozygous with intact and disrupted alleles due to a premature stop codon interrupting seven-transmembrane structure. Pottos eat mainly fruits and gums and only occasionally eat insects that other species don't. This may have loosened the selective pressure to maintain the functional TAS1R1 gene.

P-013Y

Estimation of the rate of sex chromosome non-disjunction in *Drosophila nasuta*
テングショウジョウバエにおける性染色体不分離率の推定

○萩野里奈[1], 田村浩一郎[1,2]

[1]都立大・院理, [2]都立大・生命情報セ

アカショウジョウバエ(*Drosophila albomicans*)は進化過程で性染色体が常染色体と融合してネオ性染色体を獲得したが，ネオ性染色体がなぜ集団中で急激に頻度を増して固定に至ったのかは分かっていない。先行研究で，アカショウジョウバエを交配可能な姉妹種のテングショウジョウバエ(*D. nasuta*)と交配したところ，ネオ Y 染色体と X 染色体を持つ F_1雄では生殖細胞形成時に性染色体の不分離が高頻度で起こることが分かった。そこでアカショウジョウバエでは性染色体がネオ性染色体になることによって性染色体不分離が抑制され，それが適応的だったためネオ性染色体が集団中に急速に広がったという仮説を立てた。その場合，性染色体が融合していない祖先型の核型を持つテングショウジョウバエでは，性染色体不分離が起こる確率が高い可能性が考えられる。そこで，今回テングショウジョウバエで性染色体不分離率を調べたので，その結果を報告する。

P-014Y

Investigating the Relationship Between ApoEb and Novelty-Seeking: Examining ApoEb-Related Behavior and its Genetic Variations in Medaka (Oryzias latipes)
メダカ(Oryzias latipes)における ApoEb 関連行動及びその遺伝的変異の検討

○木村文昭[1], 尾田正二[2], 笠原麗美[3], 秋山辰穂[3], 太田博樹[4], 小川元之[1,3], 竹内秀明[5], 勝村啓史[1,3]

[1]北里大・院医療, [2]東京大・院新領域, [3]北里大・医, [4]東京大・院理, [5]東北大・院生命

新奇性追求は，動物の個体・集団間で差が見られる気質であり，行動範囲に関与するとされている．しかし，その違いが進化の時間スケールで生息域拡大に影響するかは明らかでない．そこで，私たちの先行研究によって新奇性追求関連行動や生息域に集団差が見られたニホンメダカを用いて，新奇性追求の強化が生息域拡大に関与したかを進化遺伝学的に調べている．本研究では，新奇性追求の高さと相関し発現変化することを見出したアポリポタンパク Eb (ApoEb) に着目して，その遺伝子破壊メダカの行動解析と，新奇性追求の集団差に関与する遺伝子変異を探索した．まず，ApoEb 破壊メダカと野生型で新奇性追求関連行動を調べ，次に，ApoEb の転写調節領域を含む約 10 kbp の塩基配列を決定し地域集団間で比較した．本発表では，これらデータから推察される ApoEb の変異とメダカの生息域拡散との関係について報告する．

P-015Y

Exploration of insulin-like peptides(ILPs) responsible for the development of rhinoceros beetle horns.
カブトムシの角サイズを制御するインスリン様ペプチド(ILP)の探索

○荻陽菜子[1], 岡田泰和[2]

[1]都立大・院理, [2]都立大・理

カブトムシの角サイズは幼虫期の生育環境に依存しており，典型的な性選択形質の特徴である高い栄養応答性を持つ。先行研究ではインスリン受容体のノックダウン(KD)が角サイズを短くしたことから，インスリン伝達経路による角サイズ制御が知られている。しかし，内分泌シグナルの起点として重要なインスリン様ペプチド(ILP)が同定されていない。昆虫の ILP は種ごとに個数や配列，分泌器官が多様化しており，この点が解析を困難にしている。本研究ではカブトムシで角発達を担う ILP を解明するため，カブトムシのゲノム情報から ILP を探索した。その結果，5つの ILP が見つかり，現在，機能ドメインを抽出した上で種内・種間での配列アラインメントを行い，配列類似性やアミノ酸系統樹の作成を試みている。また，5つのうち3つの ILP 遺伝子の KD を進めており，情報学的解析と機能検証の途中経過について報告したい。

P-016Y

Genome-wide Diversity Analysis to Infer Population Structure and Population History of Medaka (Oryzias latipes) in Nansei Islands
ゲノム多様性解析による南西諸島メダカの集団構造とその集団史推定

○片岡新[1], 五十嵐耀[2], 鹿野雄一[4], 小川元之[1,3], 勝村啓史[1,3]

[1]北里大・院医療, [2]北里大・理, [3]北里大・医, [4]一般社団法人・九州オープンユニバーシティ

生物の移動は生息環境に大きく影響を受ける．例えば，両側回遊魚であるハゼは，海流の影響を受け，その生息域を広げてきた．一方で，南西諸島に生息するメダカは，海流とは逆行し佐賀県から沖縄本島へと南下した可能性が示めされている．このように，特に河川に棲む魚類の場合，海によって島間の移動方法は限られる．メダカにおいては，南部九州集団と沖縄集団との間では遺伝的分化が見られないことから，これが自然分布なのか，人為的影響による結果なのかは不明である．そこで私たちは，九州および沖縄本島を含む南西諸島メダカのゲノム網羅的解析によって，南西諸島への拡散様式の解明を試みた．九州佐賀集団(5地点，計240個体)と南西諸島集団(12地点，計185個体)を用いて RAD-seq を行い，ゲノム網羅的塩基多型を取得した．本発表では，得られた塩基多型から推定される南西諸島メダカの集団構造や系統関係を報告する．

P-017Y

Horizontal gene transfer evolution from marine bacteria to gut microbiome in cetacean lipid digestive adaptation
鯨類の脂質消化適応における海洋細菌から腸内細菌への遺伝子水平伝播進化

○竹内颯[1], 松石隆[2], 早川卓志[3]

[1]北大・院環, [2]北大・院水, [3]北大・院地環

In exchange for providing habitation and nutrition, animals ask intestinal symbiotic bacteria to break down nutrients they cannot digest themselves. Horizontal gene transfer (HGT) among different bacterial species allows them to adapt to new environments rapidly. In bacterial symbionts in animals, adaptive HGT from environmentally-derived bacteria leads to adaptation to their environment earlier. They may also have potential to facilitate the expansion of host animals into novel environments. Some cetaceans (porpoises, dolphins and whales) consume zooplankton and deep-sea organisms containing a lipid that is difficult to digest by many mammals (i.e., wax ester). Here, to identify lipid-digestive enzyme genes (lipase) acquired through HGT from marine bacteria, we comprehensively determined the gut microbiota metagenomes from each digestive tract site of minke whale, sperm whale, and Stejneger's beaked whale. Then, they were compared with the marine bacterial genome database. HGT of lipase from marine bacteria was detected especially in the duodenal region, which plays a role in lipid digestion in animals. HGT of lipase from marine bacteria adapting to dissolved lipids in seawater may have promoted wax ester consumption in cetaceans and enabled their aquatic adaptation to the entire oceanic zone.

P-018Y

Transcriptomic comparative analysis of queen bees during lifestyle transition

○Yuhang Jia, Takashi Makino

東北大・生命科学

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

P-019Y

Phospho-tyrosine signaling of unicellular holozoan and origin of animal multicellularity
単細胞ホロゾアのチロシンリン酸化シグナルと動物の多細胞化

○日野礼仁[1], 白岩和紗[2], 菅裕[3]

[1]県立広島大・院生命システム, [2]県立広島大・生命環境, [3]県立広島大

多細胞性進化の分子メカニズムを解明するために，動物に近縁な単細胞生物カプサスポラの持つ「多細胞的な遺伝子」の機能解明を行った。カプサスポラは，動物で多細胞体制の構築に関わる遺伝子を多数ゲノムにコードしている。そのなかで，動物の多細胞化に特に重要であったと考えられるチロシンリン酸化シグナルがどのような条件で活性化するのかを探るために，まず，カプサスポラのもつ3つの生活環（アメーバ，浮遊，群体）の変化や栄養状態の変化に伴い，遺伝子発現がどのように変化するのかを RNAseq データの主成分分析を用いて網羅的に解析した。次に，受容体型チロシンキナーゼ（RTK）の活性化条件について細胞内のタンパク質リン酸化の様子を解析した。その結果，カプサスポラにおいて RTK は，環境の変化を感知する役割を果たしていることが示唆された。動物ではこれを細胞間の連絡に使用することで多細胞体制の構築に役立てたと考えられる。

P-020Y

Parasitic lifestyle and genome evolution of novel endosymbiotic Clostridia within cellulolytic protists
細胞内寄生性クロストリディア綱細菌の発見と寄生体進化プロセスの解明

○高橋一樹[1], 桑原宏和[1], 堀川雄太郎[1], 伊澤和輝[1], 加藤大貴[1], 稲垣辰哉[1], 雪真弘[2], 大熊盛也[2], 本郷裕一[1,2]

[1]東工大・生命理工, [2]理研 BRC-JCM

クロストリディア綱は様々な動物腸内の優占細菌系統群の一つであり，多糖の分解等により宿主の栄養に寄与している。今回，シロアリ腸内木質分解性原生生物にクロストリディア綱細菌が細胞内共生することを発見し，ゲノム解析を行った。その結果，同細菌はゲノムサイズが約1 Mbp にまで縮小し，自身では核酸もアミノ酸も合成不能な上に ATP 生産もできない，細胞内絶対寄生体であることが明らかとなった。同細菌は，ヒト・反芻動物腸内細菌叢メタゲノムからの再構成ゲノム配列と単系統群を形成したが，それらもゲノムサイズが小さく，酷似した遺伝子組成を持っていた。祖先形質復元解析により，この系統群はその共通祖先で ATP/ADP 交換輸送体を獲得し，その後各細菌系統が独立に宿主真核生物由来の調節遺伝子を獲得して寄生性を進化させてきたことが示唆された。これらのイベントが，細菌の細胞内寄生性確立に重要であったと考えられる。

P-021Y

Regulatory mechanism underlying photoperiodic response of fatty acid desaturase *Fads2* in sticklebacks
トゲウオにおける脂肪酸合成酵素 *Fads2*の日長応答性の発現制御機構

○木鋪久義[1]，石川麻乃[1]

[1]東京大・新領域・先端生命科学

生物が得られる餌やその栄養素は季節によって変動する一方，正常な発達や生理活動に関わる高度不飽和脂肪酸などは，一年を通して一定量が必要である。そのため，生物は季節に応じて脂肪酸を蓄えたり合成量を変化させたりする。この例として一部の魚は日長条件に応じて脂肪酸合成量を変えることが知られるが，その制御機構は分かっていない。
私たちは近年ニホンイトヨ *Gasterosteus nipponicus* で，高度不飽和脂肪酸 DHA の合成酵素 Fads2の発現が日長条件に応じて変化することを見出した。一方，近縁種のイトヨ *G. aculeatus* では Fads2の発現は日長応答性を示さない。そこで，これらを比較し，DHA 合成の日長応答機構を解明する。アリル特異的発現解析から，Fads2のシス配列が日長応答性の違いを生むと示唆された。更に，このシス配列で種特異的な挿入欠失部位を同定した。今後はこれらの変異の機能解析を行う。

P-022Y

Selecting useful CNS for rice improvement based on structural variations causing gene expression change
発現量を変動させる構造変異に基づくイネ改良のための CNS 選抜

○鈴木優太[1]，岩嵜航[1]，牧野能士[1]

[1]東北大・院生命

保存された非コード配列（CNS）は転写制御の機能などを持つとされている。CNS を対象としたゲノム編集では，コード領域の機能欠失では作出できない，段階的な形質を持った変異体の作出が報告されている。これらの変異体は育成する地域に適した作物の作出が望めるなど，農作物の育種に貢献すると期待されている。このほかにも CNS はゲノム中に多数存在しているが，その中から改良に有用な CNS を選抜することはできていない。そこで本研究ではイネの改良に用いる CNS の選抜を目的とし，そのために遺伝子の発現を変動させる構造変異に注目した。構造変異と CNS が重なる場合，構造変異近傍の遺伝子の発現が変動する傾向が見られた。この結果から構造変異と重なる CNS は遺伝子の発現制御に関連している可能性が高いと考えられる。これらのうち農業形質に関わる遺伝子の CNS は，イネの改良における有用 CNS として期待できる。

P-023Y

An attempt to estimate phylogenetic relationships using whole genome sequencing data in the Delphinidae family
マイルカ科における全ゲノムシーケンスデータを用いた系統関係推定の試み

○平松優花[1]，溝端秀彬[1]，Jayan Duminda Mahesh Senevirathna[1,2]，スミスアシュレイ梨花[1]，宮下梨菜[1]，船坂徳子[3]，浅川修一[1]

[1]東京大・農，[2]Department of Animal Science, Faculty of Animal Science and Export Agriculture, Uva Wellassa University，[3]三重大・生物資源

マイルカ科の系統関係については従来も研究がなされてきた。しかし，マイルカ科の進化的関係，特に最近分岐した分類群は未だに議論が続いており，より正確な系統関係の推定方法の確立が求められる。本研究では始めにハナゴンドウ（*Grampus griseus*）の新規全ゲノムシーケンスを行なった。本データと既知のマイルカ科各種のゲノムに PSMC を適用し，有効集団サイズの変遷を比較検討した。その結果，ハナゴンドウは氷期に有効集団サイズの減少を経験したことが示唆された。さらに，マイルカ科の任意の2種に関してハイブリッド2倍体ゲノムを作成し，PSMC を利用した系統関係の推定を試みており，その結果について報告する。本アプローチは，特定の遺伝子に依存することなくゲノム全体に渡って解析することで，マイルカ科各種の分岐関係に関して新たな角度からの知見を提供する。

P-024Y

Deciphering metazoan evolution to understand the evolutionary history of Whole-body regeneration.

○ Shankar Chereddy[1], Rei Kajitani[2], Miho Hosaka[3], Takehiko Itoh[2], Makoto Kashima[3], Takashi Makino[1]

[1]Tohoku University, [2]Tokyo Institute of Technology, [3]Toho University

Regeneration and its differences across species have been a scientific conundrum that are yet to be explored. Species like planaria and hydra can regenerate their entire body structures from small tissue fragments through Whole-body regeneration (WBR). But this process of WBR is not seen uniformly across metazoans and is largely lost across the Bilaterian clade. Since Cnidarians possess WBR, it can be inferred that the last common ancestor of Cnidarians and Bilaterians possessed WBR ability which was eventually lost through evolution in Bilaterian species. In the current study, we explore conserved genomic elements related to WBR that could have been present in the last common ancestor of Cnidarians and Bilaterians. This revealed a set of 18 genes to be uniformly conserved across WBR species. Furthermore, all the WBR genes possessed homeodomains in their regulatory regions indicating a potential role for homeodomain transcription factors (TFs). In addition, proximal enrichment of homeodomain TFs identified T-box factors to be significantly associated with homeodomain regions in the regulatory regions of WBR genes. Also, single cell RNA-Seq data showed that most of the WBR genes are expressed in X1 neoblast cells of planaria implying a role in homeostasis of the aforementioned progenitor stem cells.

P-025Y

Genetic Basis of Sexual Dimorphism in Harmonia axyridis Spots.
ナミテントウ斑紋の性的二型の遺伝的基盤

○家木壮一，安藤俊哉

京都大・院農

近年，種内多型の進化に関わる遺伝子が次々と同定されてきている。一方で，既存の表現型のばらつきや揺らぎ（可塑性）が種内多型の創出にどのように関わるかは未だ明らかになっていない。この問題に取り組むため，私達はナミテントウ *Harmonia axyridis* の斑紋に着目した。ナミテントウの斑紋は斑紋プレパターン遺伝子 *pannier* の多様化によって生じた斑紋多型に加え，斑紋多型の中で最も祖先的な形質であると考えられている紅型の鞘翅斑紋に性的二型と温度可塑性が見られることが知られている。これらの性質は，表現型の揺らぎと種内多型の創出の関係について議論するのに適していると考えた。本研究では，鞘翅斑紋の表現型の揺らぎの遺伝的基盤として特に性的二型に着目し，昆虫の性分化制御遺伝子 *doublesex* が斑紋の性的二型や表現型のゆらぎを制御するのかどうかをRNA干渉実験によって検証した結果について議論する。

P-026Y

Evolutionary mechanisms of temperature adaptation of circadian rhythmic genes in *Drosophila albomicans*

○Agarwal Sheetal[1] and Koichiro Tamura[1,2]

[1]Dept of Biol. Sci., [2]RCGB, Tokyo Metropolitan Univ.

A fruit fly species, *Drosophila albomicans*, expanded its distribution from tropical southeast Asia towards the temperate zone in 1980's. The cold tolerance of this species is known to be largely improved by cold acclimation. To clarify how the cold acclimation response is triggered in this species in the temperate zone, we focused on the seasonal difference in daylight time, which is more distinct in the temperate zone than the tropical zone in addition to the difference in the environmental temperature. We examined the difference in cold tolerance responding to the cold acclimation in different daylight time conditions, using five *D. albomicans* strains from different geographic locations. We found that the cold tolerance of strains from Taiwan and Japanese main island became higher in the short daylight condition while the day light condition did not make effect on the strains from Malaysia and Okinawa, suggesting the possibility that the response to the daylight condition is an important factor in the distribution expansion to the temperate zone. We also examined the expression of the *tim* gene, a key component of the circadian rhythm.

P-027Y

The mitochondrial genome and phylogenetic analysis of dolphin genus Lagenorhynchus
ミトコンドリアゲノム分析に基づくカマイルカ属の系統解析

○スミスアシュレイ梨花，溝端秀彬，宮下梨菜，米澤遼，平松優花，吉武和敏，木下滋晴，浅川修一

東大・院農

現在報告されている鯨類は約90種であるが未だレファレンスゲノムの登録されていない種が多く存在する。マイルカ科は約1000万年前の短期間のうちに分岐したため遺伝的差異が小さいことが知られている。同科内でも以前より系統関係が議論されてきた *Lagenorhynchus* 属，*Cephalorhynchus* 属，および *Lissodelphis* 属は分子系統解析に用いられてきた遺伝子が少ないためより多くの配列情報の取得が求められてきた。本研究では新たに未解読であったミナミカマイルカ，ダンダラカマイルカ，セミイルカ，シロハラセミイルカの4 種の DNA を用いて全ゲノムショットガンシーケンスを行いミトコンドリア DNA 全長を解読した。これにより過去に報告されている近縁種のミトコンドリア遺伝子情報とともに分子系統解析を実施し，ミトコンドリア全遺伝子に基づいた系統樹を新たに作成した。

P-028

Comprehensive analysis to elucidate the gene regulatory mechanisms regulated by the AmnSINE1 region.

○岩﨑 裕貴[1]，西原秀典[2]，岡田典弘[1,3]

[1]長浜バイオ大，[2]近畿大，[3]北里大

AmnSINE1と呼ばれる短い反復配列の一部は，哺乳動物の発生段階でエンハンサー活性を示すことが確認されている。しかしながら，その詳細メカニズムについては不明なままである。これまでに我々は，反復配列の1種でありインシュレーター活性を含む様々な調節機構に関与していると考えられている tRNA 遺伝子領域近傍に，クロマチン構造の形成に関与する様々な転写因子が結合していることを見出し，この領域がクロマチン構造の変化を介した遺伝子調節を行っている可能性を提案してきた。本研究ではヒトゲノム中の全 AmnSINE1領域を対象に，Encode Project で明らかにされたデータを用いて，当該領域近傍における転写因子の結合パターンを調べた。エンハンサー活性が実験的に確認されている3つの座位の近傍において，クロマチン構造の形成に関連している転写因子が選択的に結合していることが見出された。AmnSINE1のエンハンサー活性はこれらの転写因子を介して調節されている可能性が考えられる。

P-029

Exploring the sex ratio distorter of *Drosophila obscura*
Drosophila obscura における性比歪曲因子の探索

○加藤雄大[1], 陳胤佳[1], 野澤昌文[1,2]

[1]都立大・院理・生命科学, [2]都立大・生命情報研究センター

性比異常現象とは，ほぼ1:1で安定している有性生物集団の性比が一方の性に偏る現象のことである。この現象は細菌感染や減数分裂における分離比の歪みなどによって引き起こされるが，詳細なメカニズムや原因因子が明らかになっている例は少ない。本研究室で飼育している *Drosophila obscura* において，性比がメスに偏る性比異常現象を呈する系統(以下 SR 系統)が発見された。本研究では，SR 系統における性比異常を引き起こす要因(歪曲因子：sex ratio distorter)を明らかにすることを試みた。SR 系統では抗生物質処理によって性比異常が失われず，PCR によっても *Wolbachia* が検出されなかったため，細菌性の性比異常ではないことが示唆された。さらに，性比正常系統との正逆交配により歪曲因子が X 染色体上に存在することが明らかになった。ゲノム解析では，性比正常系統との比較により SR 系統のゲノムに特異的な遺伝子重複が発見され，有力な候補遺伝子として選定された。

P-030

Genes involved in spread of SARS-CoV-2 into the lower respiratory tract may be under adaptive selection.
SARS-CoV-2の下気道への広がる性質に関する遺伝子と適応進化

○高田光輔[1], 大場靖子[2], 木田裕里恵[1], 呉佳齊[3], 小野慎子[4,5], 松浦善治[4,5], 中川草[3], 澤洋文[6], 渡辺登喜子[1,5]

[1]阪大・微研・分子ウイルス分野, [2]北大・人獣研, [3]東海大・医学部, [4]阪大・微研・ウイルス制御学グループ, [5]阪大・感染症総合教育研究拠点, [6]北大・ワクチン拠点

現在流行しているSARS-CoV-2のオミクロン株は，パンデミック発生当初の武漢株と比べて，下気道への侵襲性が低く，重症化率が低いことが報告されている。本研究では，下気道への侵襲性に関与するウイルス遺伝子領域を明らかにするために，武漢株，オミクロン株ならびに，各株の一部遺伝子を組換えたキメラウイルスをそれぞれハムスターに経鼻接種し，肺でのウイルスの増殖効率を比較した。その結果，ORF3aより下流の遺伝子が，SARS-CoV-2の肺での増殖に重要ということが明らかとなった。さらに，SARS-CoV-2の分子進化解析を行ったところ，ORF3a より下流の遺伝子（M と E 遺伝子）で正の淘汰が検出され，それらの変異は他の近縁のコウモリコロナウイルスには見つからなかった。本研究によって，下気道へ感染が広がりづらいオミクロン株の性質には ORF3a より下流の遺伝子が関与すること，ならびに，それらがヒトに適応的な変化である可能性が示唆された。

P-031

Spatiotemporal distribution analysis of SARS-CoV-2 variants in the Kitakawachi area based on genomic analysis
ゲノム解析に基づく北河内医療圏における新型コロナウイルス変異株の時空間分布解析

○安河内彦輝[1], 下埜敬紀[2], 神田靖士[2], 上野孝治[2], 宮下修行[2], 甲田勝康[2], 藤澤順一[2], 大隈和[2], 神田晃[3], 西山利正[2], 大橋順[4], 中森靖[5], 日笠幸一郎[1]

[1]関西医科大・生命医学研究所, [2]関西医科大・医, [3]関西医科大・附属病院, [4]東京大・院理, [5]関西医科大・総合医療センター

世界的流行を起こした新型コロナウイルス感染症は，本邦において2023年5月時点で累計陽性者数が3千万名を上回っている。今後も感染力の強い新たな変異株が出現する可能性もあるため，感染拡大の把握と予測が重要となる。本研究では，2021年3月から2023年6月までに北河内医療圏（大阪府北東部）を中心に収集された1808検体のウイルス全長ゲノム配列を決定した。Nextclade v2.7.0により系統株の判定を行ったところ，決定したゲノム配列は15の Clade（WHO の Alpha, Delta, Omicron 株を含む）に分類された。この系統情報と患者の地理的分布情報をもとに各系統について時空間的マッピングを行い，北河内圏における変異株の急速な置き換わりや感染拡大状況を明らかにした。これらの情報をもとに更に解析を進めることで，変異株の感染拡大予測モデルの構築などに役立つことが期待される。

P-032

Functional characterization of a sole bitter taste receptor in sharks and rays.

○糸井川壮大[1,2], 戸田安香[1], 工樂樹洋[3], 石丸喜朗[1]

[1]明治大・農, [2]日本学術振興会, [3]遺伝研・分子生命史

Bitterness is one of the five basic tastes and is perceived via taste 2 receptors (T2Rs), known as bitter taste receptors, in most vertebrates. One of the most important questions in T2R research is when T2Rs were acquired during vertebrate evolution. T2Rs have been found only in bony vertebrates, but a recent comparative genomic study revealed that T2R sequences are present in sharks and rays (elasmobranchs), cartilaginous fish. To examine whether elasmobranch T2Rs work as oral bitter sensors, we conducted phylogenetic, functional, and mRNA expression analyses of T2Rs in elasmobranchs. Phylogenetic analysis revealed that elasmobranch T2Rs consist of a single orthologous group. Functional analysis of T2Rs in sharks (*Chiloscyllium punctatum* and *Scyliorhinus torazame*) and rays (*Hemitrygon akajei* and *Pristis pectinata*) revealed that elasmobranch T2Rs responded to several substances known as agonists of bony-vertebrate T2Rs and that the receptive ranges were similar between sharks and rays. Moreover, mRNA expression of T2Rs was detected in the oral tissues of *C. punctatum* and *H. akajei*. These results indicate that elasmobranch T2Rs work as bitter taste receptors in the oral cavity, suggesting that the origin of T2Rs as bitter taste receptors goes back at least to the last common ancestor of jawed vertebrates.

P-033

Evolutionary dynamics of mutation spectrum in bacterial endosymbionts

○金城幸宏

沖国大・経済

Changes in habitat and symbiotic relationships greatly impact genome evolution in microbes. Genomic information is commonly used to assess ecological characteristics of unculturable microbes and study evolutionary processes accompanying ecological changes through comparative genomic analyses with closely related species. These analyses typically assume constant parameters, such as ratio of substitution rates, across the phylogenetic tree. However, reports highlight substantial changes in genome size and base composition associated with ecological shifts in diverse taxa. These findings raise concerns about potential estimation biases due to violated assumptions of constant parameter models.

To address this, non-homogeneous evolutionary models allowing variable parameters have been widely used across taxa with promising results. However, detailed investigation of the evolutionary dynamics accompanying dramatic genomic changes during ecological shifts remains limited.

This study focuses on two endosymbiotic bacteria in aphids, exhibiting a significant genome reduction trend. Multiple host lineages were collected from different regions in Japan to establish clusters of closely related symbiont genomes. Evolutionary parameter dynamics were estimated during genome reduction. Interestingly, in some species, while a general trend of genome reduction correlating with decreased genomic GC content was found, mutational trend of G/C to A/T at neutral sites at each stage of genome reduction showed opposite direction.

P-034

Evolutionary strategy of the coral Montipora

○善岡 祐輝[1,2], 新里 宙也[1]

[1]東京大・大海研, [2]OIST

コモンサンゴはインド洋・太平洋域に広く分布する代表的な造礁サンゴであるが，ゲノム情報等は乏しい。また，サンゴでは珍しく褐虫藻を親から子へ垂直伝播する。本研究では，コモンサンゴのゲノム基盤解明のために，近縁なサンゴ種と比較ゲノム解析を行なった。コモンサンゴで顕著に重複した遺伝子群は4つしか見られなかった一方，近縁種では検出されない遺伝子群を多く持つことが明らかになった。加えて，コモンサンゴでのみ確認された遺伝子群の進化速度は，他の遺伝子群よりも速いことが明らかになった。また，共生に関わる遺伝子群を探索するため，共生藻を持たない同科のサンゴと初期生活段階における遺伝子発現を比較すると，コモンサンゴでのみ発現が確認された遺伝子群の多くは，コモンサンゴ系統特異的な遺伝子群であることが明らかになった。これらの結果から，系統特異的な遺伝子群がコモンサンゴの生物学的特徴の確立に重要であると考えられる。

P-035

Elucidation of the mechanisms of salt tolerance and distributional transition of azuki been related wild species, *Vigna nakashimae*
アズキ近縁野生種ヒメツルアズキの耐塩性機構の解明と分布の変遷

○武藤千秋[1], 伊藤海帆[2], 清古貴[1], 内藤健[1]

[1]農研機構遺伝資源研究センター, [2]東京大・院新領域

ヒメツルアズキ（*V. nakashimae*）は九州西部，韓国，中国中北部に分布するマメ科 *Vigna* 属のアズキ近縁野生種である．中でも長崎県五島列島沿岸の自生集団は耐塩性が高い．そこで発表者らは *V. nakashimae* の耐塩性機構を明らかにすることを目的とし，RNA-seq および全ゲノム解析を行った．その結果，第8染色体の *Poco1*を耐塩性遺伝子の有力な候補としてとして同定した．この遺伝子は耐塩性をもつ五島列島の *V. nakashimae* 集団には存在していたが韓国の集団では欠失していた．さらに，日本・韓国で収集された63系統のリシーケンス解析から，遺伝的多様性は日本の離島集団で高く，韓国集団で低いことが明らかとなった．よって *V. nakashimae* は日本から韓国へ分布を拡大したと考えられ，分布の変遷について新たな知見を得られる結果となった．

P-036

Genetic basis of thermogenic induction and regulation in plants
植物の発熱誘導・制御の遺伝基盤の解明

○佐藤光彦

かずさ DNA 研

花の温度を外気温に対して0.5度以上上昇させる植物は「発熱植物」と定義されており，ミトコンドリア内膜におけるシアン耐性呼吸酵素（AOX）を中心とした呼吸代謝が発熱誘導に重要であると言われている。花で発熱が見られる植物の大半はソテツやサトイモの仲間で占められ，その他にモクレン科・スイレン科・ハスなどの数例をあわせて100種近くで報告がある。モクレン科ではハクモクレンで発熱が報告されているが，近縁種のコブシでも発熱すること，その強度はハクモクレンに比べて微弱であることを発見した。発熱誘導に関わる遺伝子，および発熱の強度を決定する遺伝子を探索するために，ハクモクレンとコブシの両種で発熱前後の RNA-seq を実施し比較した。その結果，ザゼンソウやソテツなどでこれまで発熱との関連が報告されている AOX は検出されず，別の呼吸に関わる遺伝子が検出された。植物の呼吸代謝における発熱形質の収斂進化の可能性について議論したい。

P-037

Power of neutrality tests for detecting natural selection.
自然選択検出法の検出効率に関する考察

田中智崇[1], 早川敏之[2], ○手島康介[3]

[1]九州大・システム生命科学, [2]九州大・基幹教育, [3]九州大・理

With the availability of genomic data, genome scan for adaptive variants become common. Only a small fraction of adaptations have been detected and many truly occurring mutations have not been detected. The power of tests of neutrality was investigated under a range of evolutionary parameters and demographic models. The results show that each test detects selection within a limited parameter range, and there are still wide ranges of parameters for which none of these tests work effectively. Despite these limitations, these detection probabilities can be used to infer the distribution of the truly occurring adaptive variants. Simulations were conducted to examine the possibility of inference. It was shown that making accurate inferences of truly occurring adaptations is generally possible.

P-038

Comparative genome analyses of three individuals of *Lucensosergia lucens*
サクラエビ3個体からのゲノム比較解析

○後藤康丞[1], 鈴木朋和[2], 小林憲一[2], 萩原快次[2], 岡本一利[1,2], 峯田克彦[1,3], 五條堀孝[1,4], 齋藤禎一[1]

[1]一般財団法人マリンオープンイノベーション機構, [2]静岡県水産・海洋技術研究所, [3]早稲田大, [4]King Abdullah University of Science and Technology

PacBio sequel II で1SMRT cell シーケンシングを実施するには10μg 程度の DNA を必要とするが，サクラエビ（*Lucensosergia lucens*）の体長は成体で40mm 程度と小さく，1個体から抽出できる高品質の DNA 量は10μg 以下であることが多い。我々は2022年度進化学会で報告した2個体にさらに1個体加えたサクラエビ計3個体を Pacbio sequel II でシーケンシングした。アセンブル全長は，1.1Gbp, 0.9Gbp, 1.1Gbp であった。ショートリードシーケンサの配列を用いた推測では，本種のゲノムサイズは2.6Gbp であったため，各個体から得られるゲノム情報はそれぞれ全ゲノムの50％程度と考えられた。本研究では3個体のゲノムを組み合わせることで，サクラエビゲノム全容の解明を試みた。本学会ではこの手法による成果と解決すべき課題について述べる。

P-039

Parent-of-origin specific gene expression in the queenless ponerine ant, *Diacamma* cf. *indicum*
トゲオオハリアリにおける片親特異的な遺伝子発現

○若宮健[1], 土畑重人[2], 岡田泰和[1]

[1]東京都立大・理, [2]東大・院総合文化

多くの多細胞生物は母親および父親由来の2種類のゲノムセットを持つが，これらの父母由来のゲノム間には利害対立が潜在し，どちらか片方の親のゲノムが優先的に発現する場合がある。このような利害対立の様相は，子世代へのゲノム共有率に応じて変化する。多回交尾のミツバチでは，子世代での父親ゲノムの共有率が母親ゲノムと比べて低くなるため，子の繁殖を促進する遺伝子発現が父親ゲノム側にバイアスするとされる。1回交尾の種では発現の由来親の逆転が予想されるが，精緻な検証事例はない。また，発現バイアスがカーストや組織ごとに変化するのかも不明である。我々は，沖縄原産で1回交尾種のトゲオオハリアリを対象に，父母ゲノム対立の可視化を試みた。本発表では，飼育下で人工交配コロニーを作成し，父母識別が可能なサイトを全ゲノムリシーケンスで特定すると同時に，子世代の RNA-seq データから発現アリルの由来親を特定した結果について報告する。

P-040

Decoding the evolutionary dynamics: exploring hybridization of house mouse subspecies in East Asia

○藤原一道[1], 久保俊平[2], 遠藤俊徳[2], 高田豊行[3], 城石俊彦[4], 鈴木仁[5], 長田直樹[2]

[1]遺伝研, [2]北大・院情, [3]理研 BRC・統合情報開発室, [4]理研 BRC, [5]北大

House mice (*Mus musculus*) are commensal to humans and have spread throughout the world with human activities. A complex and extensive genetic pattern of admixture between two substantially differentiated subspecies, *M. musculus castaneus* and *M. m. musculus* in East Asia, has been previously reported. Genome-level understanding of how they spread, interbred, and adapted in East Asia would provide important insights into genetic processes of interbreeding among genetically divergent subspecies.

In this study, we analyzed the genome sequences of 163 house mice samples from East Asia. We observed a widespread pattern of admixture between *castaneus* and *musculus*, especially in southern China and Japan. The Japanese archipelago exhibited a genetic cline of admixture, extending from the Sea of Japan side to the Pacific Ocean side. Interestingly, sex-linked loci displayed distinct patterns of genetic differentiation. While the mitochondrial genome showed clear geographic differentiation, all Y chromosomes in the East Asian samples belonged to the *musculus*-type haplogroup.

The influence of natural selection after hybridization between two subspecies in the Japanese archipelago was also inferred. Although, the Japanese samples harbor a dominant genome similar to *musculus*, we identified hundreds of regions in the genome where components of *castaneus* are unusually overrepresented in the Japanese samples.

P-041

Comparative genome analysis of amphibious and terrestrial species in *Callitriche* (Plantaginaceae)
オオバコ科アワゴケ属の水草とその近縁陸生種の比較ゲノム解析

○古賀皓之[1], ドル有生[1,2], 塚谷裕一[1]

[1]東大・院理, [2]奈良先端大・バイオ

アワゴケ属は，陸生種，陸上でも水中でも成長できる水陸両生種，そして完全に水中でしか生きられない水生種を含む小型の草本である。生活型の多様性に伴い，例えば気孔発生パターンや，葉形の顕著な表現型可塑性などの形質に違いが見られる。われわれは，アワゴケ属の水陸両生種ミズハコベをモデルとして，他のアワゴケ属各種との発生比較解析により，これらの形質の進化機構の解明に取り組んできた。最近，ミズハコベのゲノム配列解読の結果から，ミズハコベを含むグループは系統的に比較的離れた種間の交雑によって成立した異質四倍体であり，陸生種由来と両生種由来のサブゲノムから構成されることを明らかにした。これを踏まえ本研究では，ミズハコベの親種に近縁な陸生種と水陸両生種，そして属の基部で分岐した陸生種のゲノム解析を新たに行なった。発表ではこれらのゲノム解析結果を報告し，比較ゲノム解析からアワゴケ属のゲノム進化を議論する。

P-042

Detecting signals of positive natural selection in the Jomon people
縄文人における正の自然選択の検出

○渡部裕介[1], 脇山由基[1], 和久大介[2], 中村友香[1], 小金渕佳江[1], 長岡朋人[3], 平田和明[4], 米田穣[5], 山田康弘[6], 高橋龍三郎[7], 大橋順[1], 太田博樹[1]

[1]東大・院理, [2]東農大・国際食料情報学, [3]青森公立大・経営経済学部, [4]聖マリアンナ医科大・院医, [5]東大・総合研究博物館, [6]東京都立大・院人文科学, [7]早大・文学学術院

縄文人は縄文時代（およそ16,000年前から3,000年前）の日本列島に居住していた，日本人の祖先の一部をなす集団である。縄文人は数万年前に大陸の東アジア人と分岐した後，日本列島で長期にわたり孤立しており，大陸の集団が農耕を始めた後も狩猟採集生活を維持していた。我々は，この縄文人における正の自然選択の痕跡を検出するため，縄文人40検体の全ゲノム SNPs について nSL を算出した。縄文人において有意な正の自然選択の痕跡が検出された領域には，中性脂肪との関連が示唆されている *APOA* 遺伝子領域や，非震え熱産生と関連し寒冷適応との関連が示唆されている *UCP1*遺伝子領域などがあった。また，trait-nSL という指標を基に polygenic selection の検出を行った結果，縄文人では他の東アジア人とは異なるパターンが検出され，縄文人は大陸の集団とは異なる独自の適応進化を遂げた可能性が示唆された。

P-043

Explosive Diversification of Cationic Amino Acid Transporter Genes in Placental Mammals
哺乳類における塩基性アミノ酸トランスポーター遺伝子の多様化

○中村遥奈[1], 二階堂雅人[2]

[1]総研大, [2]東工大・生命理工

遺伝子重複は生物進化を促進する重要なメカニズムの一つである。最近，反芻類において塩基性アミノ酸トランスポーター（CAT）遺伝子の一つである SLC7A3遺伝子の大規模な重複が報告された。しかしながら，哺乳類の進化における CAT 遺伝子の多様化プロセスはまだ明らかになっていない。本研究では，広範な哺乳類のアセンブリゲノムに対し，5つの CAT 遺伝子のホモロジー検索を行なった。その結果，鯨偶蹄目での SLC7A3 遺伝子コピー数の増加が再確認された一方で，鯨類では増加したコピーが欠失していた。加えて，食肉目ではイントロンが抜け落ちた SLC7A3レトロ遺伝子，さらに，奇蹄目および異節類では SLC7A4遺伝子の大規模な遺伝子重複が確認された。本発表では，RNA-seq 解析結果も踏まえて，この顕著な多様化の生物学的意義について哺乳類の食性・消化システムの多様化と関連づけて議論したい。

P-044Y

Branching architecture and genetic diversity within an individual tree
樹形構造と体細胞突然変異による樹木個体内の遺伝的多型

○富本創[1], 佐竹暁子[2], 巌佐庸[2]

[1]九大・システム生命科学, [2]九大・理

While a tree grows over many years, somatic mutations accumulate and generate a genetically diverse individual. Trees can transmit such mutations to subsequent generations, potentially enhancing the genetic diversity of the population. We study a mathematical model to understand the relationship between within-individual genetic diversity and branching architecture. We generate branching architecture by repeatedly adding two new daughter branches (main and lateral branches) to each terminal mother branch. A tree shape is determined by two key parameters: daughter-mother ratio (DM) and main-lateral ratio (ML). During branch elongation, somatic mutations accumulate in stem cells of a shoot apical meristem at the tips of each branch. In branching, all the stem cells are passed on from the mother to the main daughter branch, but only one of them is chosen for the lateral daughter branch. We evaluate the genetic diversity by Z, the average of the genetic differences between all pairs of branches in a tree, and examine how Z varies with the DM and ML, keeping the total branch length constant. Even though the same number of mutations occur within trees, the within-individual genetic diversity differed substantially. Our results demonstrate the importance of branching architecture in storing genetic diversity.

P-045Y

Comparison of mating frequencies in the dimorphic female butterfly, *Papilio polytes* (Lepidoptera: Papilionidae)
シロオビアゲハ *Papilio polytes* のメス二型間の精包保有数に基づく交尾回数の比較

○吉岡秀陽

琉球大・院農

アゲハチョウ科には一部のメスだけがベイツ擬態する種が多く見られる．捕食回避において有利な擬態型メスと不利な非擬態型メスの多型維持機構は進化生態学的に注目されてきた．この多型を説明する仮説の1つとして性選択のコスト説がある．これは，オスが非擬態型メスに偏って配偶行動を行う結果，擬態型メスが交尾機会を失っているとする説である．本研究では，性選択のコスト説を検証するため，琉球列島の4島で調査を行い，シロオビアゲハのメスの野外での交尾回数を精包保有数に基づき非擬態型と擬態型で比較した．その結果，全ての島で両型の精包保有数に有意差は無かった．また，翅の経時劣化を表す前翅の擦れ具合と精包保有数の関係を解析した結果，精包保有数は両型とも経時的に増加していた．本研究は，性選択のコストが本種のメスの多型維持に関与していないことを強く示唆するとともに，本種の多回交尾性を複数の集団で証明するものである．

P-046

Estimating genetic diversity of a taxon: Simulation test under spatial sampling
分類群の遺伝的多様性推定：空間抽出下でのシミュレーション検証

○青木聡志，石濱史子，深澤圭太

国立環境研究所・生物多様性

多くの遺伝的多様性は無作為抽出を仮定して不偏推定される。しかし，複数分集団に分布する分類群個体の無作為抽出は現実的に困難であり，研究者は慣習的に分布域から地点群を主観的に選び，その中で個体のサンプリングを行ってきた。演者らが以前開発した空間抽出は，距離による隔離を前提に遺伝的多様性を最大化するサンプリング地点の選定を客観的に行うことを可能としたが，依然として無作為抽出の仮定を無視して分類群全体の遺伝的多様性を実務上正確に推定できるか否かは検証すべき課題である。

今回演者らはシミュレーション実験を行い，様々な分集団構造の下で空間抽出により分集団を選び，選ばれた各分集団から1サンプルを無作為抽出した時の遺伝的多様性を検証した。その結果，塩基多様度と期待ヘテロ接合度は平均3%のバイアスとなりよく推定できた一方，Watterson's θは平均31%もの過大推定となり実用は困難と考えられた。

P-047

Estimating rewards and genetic underpinnings of antipredator behavior in *Drosophila melanogaster* through inverse reinforcement learning
逆強化学習を用いたショウジョウバエの対捕食者行動における報酬推定とその遺伝基盤の解明

○佐藤大気[1,2]，松田一流[3]，荒井幸代[3]，髙橋佑磨[2]

[1]千葉大・IAAR, [2]千葉大・院理, [3]千葉大・院工

われわれヒトを含めた動物の行動戦略や意思決定プロセス，およびその多様性を生み出す遺伝的基盤の理解は，動物行動学や神経科学，進化生物学における重要な研究課題である。近年，行動軌跡データから生物のもつ内在的な報酬関数や方策を推定する逆強化学習を用いた研究が報告されている。各パラメータの報酬価を事前知識なしに推定できるのが逆強化学習の強みであり，これにより客観的に行動表現型を定量できると考えられる。本研究では，104のキイロショウジョウバエ（*Drosophila melanogaster*）の近交系統についてオープンアリーナ内での行動を撮影した。まず，動画から得られた行動軌跡のデータをもとに，移動速度や恐怖刺激に対する反応といった各行動パラメータについて，逆強化学習により報酬価を推定した。さらに，これらの系統のゲノム情報を用いて，ゲノムワイド関連解析により各行動パラメータに関わる遺伝的変異を検出した。

P-048

Estimation of Painters' Influence Based on Unsupervised Learning of Evolutionary Model for Painting Styles
絵画創作スタイルの進化モデルの教師なし学習に基づく画家の影響度推定

○中村栄太[1]，齋藤康之[2]

[1]京都大・院情，[2]木更津高専・情工

本研究では，絵画創作スタイルの進化と文化伝達について議論する。西洋絵画データの大規模分析により，その色彩スタイルのクラスター頻度には同期的変化が見られ，各創作者の作品集合内での色彩パターンの分布を表す，色彩スタイル分布が創作者間で文化伝達する可能性が示されている。本研究では，この文化伝達を組み込んだ進化過程の確率モデルを構築し，教師なし学習の枠組みを用いて色彩スタイルの伝達過程を分析する手法を調べる。その結果，画像データのみから画家の影響度が推定でき，美術史文献でよく知られる画家を高い精度で推定可能であることを示す。また，尤度基準と専門家の知識の再現に関する基準では，影響度の時間減衰や斜行伝達の大きさに関する最適なパラメーター値が異なることが分かった。これらの結果は，創作物データからの統計推論により，創作知識の伝達過程や新たな知識の創出原理を解析する手法として応用可能である。

P-049

Continuous and wide-raging interactions in the prehistoric Jomon hunter-gatherers of the Japanese archipelago: A geometric morphometric analysis of three-dimensional data

○中尾央[1], 中川朋美[1], 金田明大[2], 田村光平[3], 野下浩司[4], 吉田真優[1]

[1]南山大, [2]奈文研, [3]東北大, [4]九大

The present study examines three-dimensional data of the Jomon crania using geometric morphometrics to investigate the reason why the Jomon society was relatively stable and people were relatively uniform. We hypothesize that the Jomon society was maintained due to the fact that they quite often interacted between populations, as suggested by the relevant research in archaeology, ethnography, and genetics. The results show that morphological variations are smaller between phases and areas than within each population, which is consistent with the hypothesis, and are partly inconsistent with the previous relevant anthropological studies claiming that certain spatiotemporal differences are found.

P-050

Exploring the advantages of polyploidy and autogamy after hybrid formation by evolutionary simulation of gene regulatory networks

遺伝子発現制御ネットワークの進化シミュレーションによる雑種形成時の多倍体化や自家受精開始の利点の探索

○大窪健児

総研大・統合進化

雑種形成時には多様な現象が起こりうる。例えば，雑種の方がより生き残りやすくなる雑種強勢(ヘテロシス)，ゲノムセット数が増加する多倍体化，自分自身と生殖が可能になる自家受精の開始，雑種の方がより生き残りにくくなる生殖隔離が挙げられる。それでは，これらの現象はどのような場合に利点があるのだろうか。本研究では，遺伝子発現制御ネットワークの理論モデルを用いて集団の分割と雑種形成の進化シミュレーションを行い，これらの現象について生存に有利な条件を調べた。シミュレーションによって以下のような結果が得られた：

1：多倍体は，雑種強勢を高め，強い適応度を維持する。それによって多倍体が生殖隔離を防ぐ可能性が示唆された。

2：自家受精は生存しやすさの意味では利点は見られなかったものの，遺伝子発現の変動が拡大していた。

本発表では，シミュレーション結果について紹介し，その意味や解釈について議論したい。

P-051

Unraveling Nutrient Transfer in Dolichoderus Ants: Trophic Eggs and Implications for Pest Management Strategies

Tzu Chia Chen[1], Chung Chi Lin[2], ○Shu Ping Tseng[1]

[1]Department of Entomology, National Taiwan University , [2]Department of Biology, National Changhua University of Education

Colonies of social insects utilize nutrient transfer to maintain their colonies, which is done through food sharing. Oral trophallaxis, where food is passed orally between individuals, is the most common form of nutrient sharing. The use of trophic egg transfer as an alternate nutrient-sharing mechanism has been suggested, yet it's rare for species to rely solely on this method. An exceptional case presents itself in our study of Dolichoderus ants. We propose that these ants don't engage in trophallactic behaviors, but instead lay nutrient-rich trophic eggs that provide sustenance for larvae, queens, and workers. This deviation from trophallaxis may reduce the effectiveness of conventional pest control strategies, like boric acid liquid baits, emphasizing the necessity for novel pest management research. We therefore recommend further exploration into the extent and evolutionary path of trophic egg use in other ant species considered pests, as this knowledge could significantly improve the sophistication and success of pest control techniques.

P-052

Functional differentiation of the nervous system by self-organization with constraints.

○渡部大志[1], 津田一郎[1,2]

[1]中部大・AI 数理データサイエンスセンター, [2]中部大・学創発

背景：神経細胞が多細胞動物において普遍的にみられるのはなぜだろうか。我々は拘束条件付き自己組織化の観点から，神経細胞の分化を表現する数理モデルの構築を試みた。

方法：まず単調増加，単調減少，単峰，双峰，定数関数が表現可能な複数のパラメータをもつ一次元写像を用意し，この写像を結合させたネットワークを構成した。次にこのネットワーク全体の情報伝達能力を定量化する評価関数を定義した。結合強度やネットワーク構造を変えながら，この評価関数を用いて写像とネットワークを同時に最適化し，効率的に情報伝達可能な写像を数値シミュレーションによって探索した。

結果：結合強度とネットワーク構造に応じて，透過型，興奮型，振動型の3種類に分類できる写像が得られた。特に，興奮型と振動型の写像は神経細胞とよく似た特徴を持ち，透過型と振動型の写像はグリア細胞を表している可能性がある。

P-053

Development of a method for analyzing genetic segregation using HRM analysis
HRM 解析を用いた遺伝子分離解析手法の開発

○大槻涼

駒澤大・総合教育

シダ植物における無配生殖では，生活環の中から受精と正常な減数の2つの現象が生活環から抜け落ちている。このため，無配生殖系統の子孫はみな，親と遺伝的に同一になると考えられてきた。しかし，同祖染色体の対合による遺伝的分離が生じ，新たなクローンが生じている可能性が示唆されていた（Ishikawa et al. 2003，Ootsuki et al. 2012）。Ootsuki et al. (2012)において，三倍体無配生殖型ヤブソテツを対象として，親個体―配偶体―次世代胞子体の三者でダイレクトシーケンスによる遺伝的比較から，実際に有性生殖系統との交雑を経ないまま，さまざまな遺伝的組成の次世代子孫を生産する可能性が示唆された。しかし，ダイレクトシーケンスを用いた検証ではゲノム組成の量的な変化（AAB か ABB か）を正確に推定することができない状態であった。
本発表では，よりゲノム組成の量的な変化を推定する新たな手法として，リアルタイム PCR 機を用いた HRM（高分解能融解曲線）解析を遺伝的比較に用いた。

P-054Y

Molecular phylogenetic analysis and changes in morphology and luminescence intensity of Neanuridae (Collembora)
発光イボトビムシの形態と発光強度の変化，および分子系統解析

○加藤巧己[1]，大平敦子[2,3]，中森泰三[3]，川野敬介[4]，別所-上原学[1,5]

[1]名古屋大・院理，[2]多摩六都科学館，[3]横国大・院環境情報
[4]豊田ホタルの里ミュージアム，[5]名古屋大・高等研究院

六脚亜門内顎綱に属する陸棲生物のイボトビムシ科の生物には生物発光を行う種がいる.日本国内ではアカイボトビムシ属の1種が発光することが報告されているが,アカイボトビムシの飼育方法,生態や発光メカニズム,イボトビムシ科における発光種の系統関係など詳細な研究は行われていない.

発表者たちはイボトビムシの飼育実験を行なった結果,アカイボトビムシの飼育系を確立した.また長期的な観察を行った結果,イボトビムシの脱皮前後でイボが白い形態から赤い形態に変化すること,その変化に伴い発光強度が大きく変化することを発見した.さらにアカイボトビムシ属の近縁種であるアミメイボトビムシ属にも発光種がいることを発見し,分子系統解析を行った結果,アカイボトビムシ属発光種は単系統,アミメイボトビムシ属発光種は多系統を示すことが示唆された.

本発表では,今回得られた詳細なデータを今後の展望とともに報告する.

P-055Y

The relationship between host shift and speciation in the genus *Limnoria*.

○杉田智哉[1]，朝川毅守[1]

[1]千葉大・院理

動物では食性の幅やホストの変遷が種分化や多様化と深く関わることが知られている。一方で，これまでにホストシフトと種分化の関係性を調査した研究の多くは，近縁な植物間でのホストシフトや解毒酵素によるホストへの適応を調べたものに限られていた。

キクイムシ属（甲殻亜門等脚目）では木材や海草，褐藻，紅藻などから採集された種が知られており，スペシャリストの存在やホスト転換による種分化が示唆されているほか，木材食種において内在性酵素のみによる木材セルロースからのエネルギー獲得が知られている。そのため，キクイムシ属は遠縁なホスト間での転換や消化酵素による適応を調べることのできる，重要な種であるといえる。

本研究では複数のキクイムシ属についてトランスクリプトーム解析を行い，種間でのホストの違いと発現している酵素の種類や発現量との関連性について，特に消化酵素に着目して議論を行った。

P-056Y

Evolution of movement directions in crabs: restructuring the ancestral state from the behavioral traits of extant species
カニの移動方向はどのように進化したのか？：現生種情報を用いた祖先形質の復元

○谷口隼也[1]，井上翼[1]，黄榮富[2]，平井厚志[3]，水元惟暁[4]，竹下文雄[5]，河端雄毅[1]

[1]長崎大・院水，[2]国立高雄科技大，[3]エビとカニの水族館，
[4]OIST，[5]北九州市立博物館

カニは横方向に移動する極めて珍しい動物である。しかし，カニがどのように横方向に動く形質を進化させてきたのかについては，全く明らかにされていない。そこで本研究では，まず様々な現生種の移動方向を実際に撮影し，映像からカニが横/前のどちらに移動指向性を持つのかを判別した。そして，判別結果を系統樹に当てはめて解析することで，カニの移動方向の進化プロセスを分析した。

移動指向性の解析の結果，横移動が49種，前移動が22種だった。また，祖先形質は前移動であり，アサヒガニやホモラ科は前移動を祖先から受け継いでいると推定された。一方で Eubrachyura 類は，早い段階で横移動を一度獲得した後，ミナミコメツキガニやクモガニ科など複数の異なる系統で二次的に前移動に戻る先祖返りをしたと推定された。また，横移動の進化は前移動の進化より少なく，横移動の進化が革新的で起こりにくい現象であることが示唆された。

P-057Y

DNA barcoding and genetic diversity in nudibranchs
ウミウシの DNA バーコーディングと遺伝的多様性

○大瀬竜之介[1], 朝川毅守[1]

[1]千葉大・院理

ウミウシは貝殻が退化，または消失している海産巻貝の総称である。多様な形態を持っており，分子系統解析により大きな多様性を持つグループであることが示唆されている。本研究では城ヶ島を中心に採取されたウミウシの，CO1配列による DNA バーコードの構築を行った。また得られた配列はデータベース上の配列と比較し，その多様性を評価した。CO1配列から種の同定を行うことができる BOLDSYSTEM を用いたところ，得られた配列から種の同定を行うことができたのは38％であり，残りの62％の配列はデータベースに同種の配列が無い，あるいは隠蔽種や新種の存在が考えられるものであった。本発表では城ヶ島に出現するウミウシの多様性について，遺伝的，形態的に比較しながらいくつか例を紹介する。

P-058Y

Evolutionary history of the Japanese *Catapionus* weevil with remarkable variations in genome size
顕著なゲノムサイズ変異を示す日本産ヒョウタンゾウムシ属の進化史

○村上翔大[1], Hsu Po-Wei[1], 木下豪太[2], 奥崎穣[3], 土畑重人[1]

[1]東京大・総合文化, [2]遺伝研, [3]大阪公立大

ゲノムサイズ（GS）は生物個体の基本的特徴量だが，GS 変異の進化的起源・帰結は生物学における未解決問題である．日本産ヒョウタンゾウムシ属は，核相に顕著な属内変異を示し，分布北部に4・5倍体単為系統，分布南部に2倍体有性系統が分布する．本研究では本属の GS 進化過程を明らかにするために，まず属内系統関係の解析を行った．ミトコンドリア遺伝子の部分配列と，MIG-seq による核ゲノム SNP を用いた分子系統解析の結果，地理的に分布に対応する複数系統が認められ，多倍体単為系統が有性系統からの1回起源であることが示された．また，各系統で複数個体の GS をフローサイトメトリーで推定したところ，複数の2倍体有性系統で GS の増加・系統内変異が確認された．一方で，最も顕著な GS 変異を示すフキヒョウタンゾウムシ（F 系統）の染色体数は系統内で一定だった．今後は GS 増加に貢献したゲノム構成要素について調べる予定である．

P-059

A Systematic Study on the *Rhopalomastix omotoensis* Terayama, 1996 (Hymenoptera: Formicidae) of Ryukyu Islands

○Azumi Kudaka[1,2], Takumi Uchima[3], Alexandre C Ferreira[1], Miyuki Suenaga[1], Tadashi Yoshimura[3], Fu-Ya Chung[4], Kazuki Tsuji[5], Evan P. Economo[1]

[1]Biodiversity and Biocomplexity Unit, OIST, [2]琉球大・院農, [3]Environmental Science and Informatics Section, OIST, [4]彰化師範大学, [5]琉球大・農

Rhopalomastix omotoensis (Terayama, 1996), known only from Japan and Taiwan, is in the subfamily of Myrmicinae, nesting only under the bark of living trees. In Japan, this species has been found on five islands in Okinawa Prefecture. This study added new records on two islands, and slightly expanded the northern limit of the distribution of the genus *Rhopalomastix* (Forel, 1900) to Inokawa, Tokunoshima Island, Kagoshima Prefecture: 27?46’N. It has been assumed that the only *Rhopalomastix* species in the Ryukyu islands is *R. omotoensis*. This study compared the morphology and phylogeny of different populations of *Rhopalomastix* species in Central Ryukyu, Southern Ryukyu, and Taiwan.

P-060

Estimating the past admixture of Oryzias latipes species complex in East Asia
東アジアのメダカ種群における過去の交雑シナリオの推定

○藤本真悟[1], 小林大純[2], 青山洋昭[3], 村瀬偉紀[4], 八木光晴[5], 國島大河[6], 明正大純[7], 松波雅俊[1], 佐藤行人[1], 木村亮介[1]

[1]琉球大・医, [2]琉球大・院理, [3]琉球大・研基, [4]琉球大・熱セ, [5]長崎大・水産, [6]和歌山自然博, [7]静岡県立大・食品栄養

メダカ種群 *Oryzias latipes* species complex は中国，朝鮮半島，日本に広域分布する。兵庫県の分布境界域では，ミナミメダカ *O. latipes* とキタノメダカ *O. sakaizumii* の自然下の交雑が知られるが，日本列島の他の地域や日本とユーラシア大陸の系統間での二次的接触や交雑の有無は十分検討されてない。メダカ種群の4系統で過去の交雑シナリオを評価する。*O. javanicus* を外群にした1160個のオーソログ遺伝子の塩基配列で交雑の組み合わせと方向性を D-foil で評価したところ，朝鮮半島のミナミメダカ東韓集団と日本の2種の共通祖先での交雑が示唆された。さらに，日本各地で採集した野生個体の全ゲノムリシーケンス解析で(27地点, N = 44)，日本の2種間の交雑を再評価した。東韓集団由来 HSOK 系統を外群とした *ABBA-BABA* テストと admixturegraph は，キタノメダカが紀伊半島から東北地方に分布する東日本のミナミメダカ集団と過去に双方向に交雑したことを示唆した。メダカ種群の集団遺伝構造には地理的隔離だけでなく，二次的接触と交雑も寄与していることが明らかになった。

P-061Y

The influence of environmental conditions on diversity and extinction of early replicator
原始的な複製体の多様化と絶滅に環境が与える影響

○湯川香東[1], 吉山友明[2], 水内良[3], 市橋伯一[1,4,5]

[1]東大・総合文化, [2]阪大・院情報, [3]早大・理工, [4]東大・先進科学研究機構, [5]東大・生物普遍性研究機構

生命の起源において，現在のような生命システムが作られるためには，RNA やタンパクからなる単純な複製体から複雑化が起きる必要があった。これまでに私たちは，RNA 複製酵素をコードする RNA と無細胞翻訳系を用いて，原始的な複製システムを模擬した RNA の長期進化実験を行い，宿主-寄生体競争によって RNA が自発的に多様化し，協調的な複製ネットワークを作ることを観察した。しかし，同じ実験系を用いても，希釈や攪拌の方法が異なる条件では多様化が失われ，これまでには見られなかった絶滅のような現象が起きた。これは，分裂等を外部の環境に依存するような原始的な複製体が生命らしく複雑化するために環境条件が重要であった可能性を示している。本研究では，進化実験とシミュレーションによって希釈の強度と希釈・攪拌の頻度，すなわち外部的な攪乱の強さが自己複製 RNA の多様性と絶滅に与える影響について検討する。

P-062Y

Experimental Evolution for Cold Tolerance and Cold Acclimation in *Drosophila albomicans*
アカショウジョウバエの低温耐性と低温順化に関する実験進化

○辻愛莉紗[1], 小川佳孝[1], 田村浩一郎[1, 2]

[1]都立大・院理, [2]都立大・生命情報セ

元来，東南アジアの熱帯に生息していたアカショウジョウバエ(*D. albomicans*)は1980年代に温帯の西日本に分布を拡大した。この分布拡大には低温耐性の向上が伴ったこと，アカショウジョウバエの低温耐性は生育温度より低い20℃に数日間置く低温順化により向上することが知られている。先行研究で低温順化した後1℃に50%致死率になるくらいの時間置いた後，生き残った個体を世代交代に用いる人為選択を行ったところ，世代を重ねるごとに低温耐性が向上した。しかしこの実験では，人為選択は個体の生得的低温耐性と低温順化による低温耐性向上という2つの要因に働いたと考えられ，それぞれが低温耐性の向上にどの程度の効果があったのかについては明らかになっていない。
そこで本研究では，低温順化しない条件で低温選択を行い，生得的低温耐性と順化による低温耐性の向上，およびそれに伴う実験集団の遺伝子頻度の変化を調べている。今回は16世代目までの結果を報告する。

P-063Y

Impact of cold tolerance and metabolism on the distribution expansion of *Drosophila albomicans*
アカショウジョウバエの分布拡大における低温耐性と代謝の影響

○井手翼[1], 田村珠雲[1], 村井陸[1], 吉田拓充[1], 田村浩一郎[1,2]

[1]都立大・院理, [2]都立大・生命情報セ

アカショウジョウバエは元来，東南アジアの熱帯に分布していたが，1980年代に分布を北に拡大し，現在では温帯の西日本にも生息している。この分布拡大には低温耐性の向上が伴ったと考えられている。また，本種の低温耐性は低温順化によって向上すること，異なる地域の系統間では低温耐性と代謝率の間に相関があることが分かっている。そこで，本種の分布拡大に伴う低温耐性の変化と低温耐性と代謝の関連を調べた。マレーシア，台湾，日本の3集団について複数の雌単一系統の低温耐性を調べたところ，日本と台湾の系統の差はほとんどなかったがマレーシアの系統は他よりも低かった。この結果から，台湾の集団で低温耐性の向上が起きたと推測された。一方，人為選択で低温耐性が向上した実験集団について，低温耐性と代謝との関連を調べたところ，両者の間に相関は見られなかった。そのため，低温耐性向上に代謝率は直接関与しないと考えられた。

P-064Y

Analysis of GroEL Functional Changes and Chaperonin Target Molecules in the Thermo-Adaptive Evolved Escherichia coli.
大腸菌の高温適応進化における GroEL 機能変化とシャペロニンターゲット分子の解析

○外山弘恵[1], 松尾萌[1], 山内長承[2], 河野暢明[3], 岸本利彦[1]

[1]東邦大・院理・生物分子, [2]東邦大・理・情報, [3]慶大・先端生命研

生物の進化メカニズムの解明を目的とし，我々は大腸菌の高温適応進化系を2系統構築した。15年以上に渡り進化実験を継続し，両系統で48.0℃以上の完全適応株の樹立に成功している。これらのゲノム解析を行なった結果，高変異率での進化が生じており，プロテオスタシス系への変異蓄積が両系統で有意に認められた。また，RNA-seq により，シャペロニン GroEL/ES の発現が進化に伴い亢進していることが確認された。以上より，プロテオスタシス系の中心因子である GroEL に注目し，解析を行なった。GroEL は必須遺伝子であるにも関わらず，進化の過程で最多の変異を蓄積しており，それぞれの変異機能解析を行った。その結果，細胞内不溶性タンパク質の減少や GroEL の熱安定性変化を付与していると示唆された。これらの機能変化により，進化過程で細胞内ネットワークが変化していると考え，現在，進化過程で生じる変異型 GroEL/ES 複合体の精製・ターゲットタンパク質の網羅解析を検討している。

P-065Y

Genetic diversity of neo-Y chromosomes generated by sex-chromosome nondisjunction in *Drosophila albomicans*
性染色体不分離を介したアカショウジョウバエのネオ Y 染色体の遺伝的多様性獲得の検証

○植田泰地[1], 小川佳孝[1], 田村浩一郎[1,2]

[1]都立大・院理・生命科学, [2]都立大・生命情報セ

アカショウジョウバエ（*Drosophila albomicans*）は，性染色体と常染色体が融合したネオ性染色体を持つ。本種の雄では減数分裂組換えが起こらないため，ネオ Y 染色体はネオ X 染色体と組換えを起こす機会が無く，遺伝的多様性が低くなることが予想される。しかし，アカショウジョウバエのネオ Y 染色体の遺伝的多様性はネオ X 染色体と同等であることが分かっている。一方，性染色体と常染色体が融合していない姉妹種のテングショウジョウバエと交配して雑種を作ると，ネオ Y 染色体と X 染色体を持つ雄では，性染色体の不分離が高頻度で生じ，ネオ Y 染色体と X 染色体を持つ精子ができる。この精子が受精すると，ネオ Y 染色体を持つ雌が生じる。ネオY染色体が生じてから固定するまでのアカショウジョウバエの祖先集団では，この不分離雌での減数分裂組換えによってネオ Y 染色体が遺伝的多様性を獲得した可能性がある。今回，その可能性を実験的に検証した結果を報告する。

P-066

Effects of complex formation on protein molecular evolution
タンパク質分子進化における複合体形成の効果

奥北爽太[1], 雨坂心人[1], 脇坂充敏[1], 平田あずみ[2], 田中俊一[1], ○高野和文[1]

[1]京府大, [2]大医薬大

酵素タンパク質の特性を効率的に改善する手法として指向性進化法がよく用いられる。しかしこの手法では，変異導入により不安定化した変異体によって進化の道が閉ざされ変異の探索範囲が狭められる。そこで本研究では，目的タンパク質に抗体模倣分子が結合した複合体を用いた指向性進化法に取り組んだ。これは，不安定化変異体を複合体形成により安定化，救済することで探索範囲の拡張が期待できるためである。
目的タンパク質にエステラーゼ（Est）を用いて，その活性向上を目指した。抗体模倣分子には Cold Shock Protein（CSP）を利用した。ファージディスプレイ法により Est に結合する CSP（CSP(Est)）を単離した。Est と CSP(Est)の大腸菌内での共発現系を用いて Est 変異体を発現，その活性を評価した。CSP(Est)共発現下では非共発現下と比較して，活性がより高い変異体が獲得できた。これは，不安定化により見かけの活性が低下した不安定化変異体の構造保持能が強化されたためと示唆される。

P-067

Construction of a mini-RNA replicon in *Escherichia coli*

○柏木明子

弘前大・農生

How the RNA world transited to the DNA world has remained controversial in evolutionary biology. At a certain time in the transition from the RNA world to the DNA world, “RNA replicons,” in which RNAs produce proteins to replicate their coding RNA, and “DNA replicons,” in which DNAs produce RNA to synthesize proteins that replicate their coding DNA, can be assumed to coexist. The coexistent state of RNA replicons and DNA replicons is desired for experimental approaches to determine how the DNA world overtook the RNA world. We constructed a mini-RNA replicon in *Escherichia coli*. This mini-RNA replicon encoded the β subunit, one of the subunits of the replicase derived from the Qβ RNA phage, and is replicated by the replicase in E. coli. To maintain the mini-RNA replicon persistently in *E. coli*, we employed a system of α complementation of LacZ that was dependent on the Qβ replicase, allowing the cells carrying the RNA replicon to grow in the lactose minimal medium. The coexistent state of the mini-RNA replicon and DNA replicon (*E. coli* genome) was successively synthesized. This can be a starting system to experimentally demonstrate the transition from the RNA-protein world to the DNA world.

P-068Y

Species differences of group characteristics and its genetic and neural manipulation in *Drosophila*
ショウジョウバエ近縁種における群れの多様性とその遺伝・神経機構の解明

○野﨑友花, 川嶋 宏彰, 山ノ内勇斗, 上川内あづさ, 田中良弥

[1]名大・理, [2]兵庫県立大, [3]名大・院理

群れ行動は多くの生物で見られる生存戦略の一つであり，集まる程度を決める群れ性質は，種ごとに利益とコストのバランスをとることで多様化している。群れ行動が生物種に広く保存されているにも関わらず，こうした群れの性質を決定する遺伝・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研究モデル種であるキイロショウジョウバエとその同属種を用いてこの解明に取り組むこととした。ショウジョウバエ10種について群れ行動を解析した結果，個体間距離や群れに属す個体数などの群れの性質に違いがあることを発見した。これは群れ行動が同属種でどのような機構で多様化し，保存されているかを調べる手がかりとなりうる。以上の結果より，密な群れを形成する *D. mojavensis* に着目し，砂漠という過酷な環境下における群れ形成の意義や，ショウジョウバエに保存されていると考えられる群れの性質を決定する遺伝・神経機構の存在について議論したい。

P-069Y

Color preference behavior and spectral sensitivity adaptation in the flower-breeding Drosophila
訪花性ショウジョウバエにおける色選択行動の獲得と網膜分光感度の適応

○桂宗広[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

花を訪れる行動はどのようなメカニズムで進化したのだろうか。本研究では，近縁種内で珍しく訪花性を獲得し，ノアサガオなど特定の花を選択的に訪れるようになったカザリショウジョウバエを研究対象とした。まず本種が花のどの情報を用いて訪花するのかを理解するため，造花や画像，色紙に対する行動を調べた。ハエはノアサガオと類似した反射スペクトルの青色円に多く着陸したことから，彼らが青色を認識して訪花することがわかった。

さらに本種の視覚システムが訪花性を反映しているかを理解するため，様々な波長の光への網膜の感度を網膜電図法により調べ，キイロショウジョウバエと比較した。網膜の分光感度はどちらも紫外線にピークがあったが，420nm 付近(紫外~青)への感度がカザリショウジョウバエにおいて1.5倍程度高かった。この波長帯はノアサガオが強く反射する波長と一致する。このことから，本種の網膜の感度は訪花性を反映している可能性がある。

P-070Y

Quantification of Batesian and Mullerian mimicry using predator-like CNN
捕食者の反応を考慮した CNN によるベイツ型・ミュラー型擬態の定量化

○網野海[1], 平川翼[2], 矢後勝也[3], 松尾隆嗣[1]

[1]東京大・院農, [2]中部大・AI 数理データサイエンスセンター, [3]東京大・総合研究博物館

ベイツ型・ミュラー型擬態を実証する際，捕食者による学習実験か，形態計測による類似度評価が行われる．前者は実験コストが高い一方，後者では着目する形質が実験者の判断に委ねられ，捕食者の反応が考慮されにくい．画像分類で高い精度を誇る畳み込みニューラルネット(CNN)では，分類タスクをこなすのに必要な特徴量が機械により学習されるため，人間の主観が介在しない類似度評価が可能なうえ，タスクの設定や出力の取り出し方によっては捕食者の反応も推定出来るかもしれない．我々はチョウ類の擬態を題材に，CNN により捕食者にとっての擬態の完成度を評価する画像解析手法を開発中である．これまで，①捕食実験の結果をもとに CNN の出力を補正する方法，②CNN が種の識別に要する時間に着目した方法，③CNN にチョウ類の画像とその“味”を入力し，より不味い獲物を避けるように学習させる方法，を試みてきた．本発表ではこれらの妥当性や汎用性について議論する．

P-071Y

Ecological impacts of the evolution of a pleiotropic gene: insights from *TSHβ2* in three-spined stickleback
イトヨにおける多機能性遺伝子の採餌行動への機能とその生態的効果

○Aldy Anindyawan Sutrisno[1], Asano Ishikawa[1]

[1]東京大・院新領域・先端生命

How does the evolution of a single gene affect the ecosystem? Although previous studies have provided valuable insights into the links between phenotype and ecosystem, we still have limited knowledge about the ecological impacts caused by specific genetic changes. The three-spined stickleback is a good model for elucidating the links between genes and the ecosystem due to its diversification into multiple ecotypes. Recently, we revealed that thyroid stimulating hormone beta 2 (*TSHβ2*) plays a significant role in the variation in reproductive seasonality. *TSHβ2* exhibits a photoperiodic response in ancestral marine ecotypes, while this response has been lost in multiple freshwater ecotypes, which show extended breeding seasons. We also demonstrated the pleiotropic function of *TSHβ2* in gonadal maturation, body growth, and brain transcriptome. To explore the ecological impacts of *TSHβ2*, we investigated the foraging behavior of *TSHβ2* knockouts. *TSHβ2-KO* marine sticklebacks showed increased swimming activity and reduced foraging activity compared to wild types, similar to the freshwater ecotypes. They also exhibited a strong preference for pelagic Daphnia over benthic Asellus. We also confirmed that Daphnia feed on phytoplankton, and Asellus decompose leaves, suggesting that *TSHβ2* expression could affect the entire ecosystem through the food chain.

P-072Y

Molecular mechanisms underlying variation of environmental stress tolerance in sticklebacks
イトヨ近縁種における環境ストレス耐性の違いとその分子機構

○原田慧[1], 石川麻乃[1]

[1]東京大・院新領域・先端生命・分子生態遺伝学分野

生物の環境ストレス耐性は，新規ニッチへの進出やその後の多様化に重要である。しかし，新規ニッチ進出を左右する環境ストレス耐性の分子機構はほとんど分かっていない。本研究では，異なる新規ニッチ進出能力を持つ近縁種であるイトヨ *Gasterosteus aculeatus* とニホンイトヨ *G. nipponicus* をモデルに，様々な環境ストレス耐性を比較し，新規ニッチ進出能力を決定する新たな分子機構を解明する。まずそれぞれを様々な環境条件に約1年間曝露したところ，ニホンイトヨはイトヨより高度不飽和脂肪酸欠乏，低浸透圧，短日条件群で生存率が低い一方，低温，高温群では生存率が高かった。この生存率の違いを生む候補遺伝子を得るために，肝臓の RNA-Seq を行った。その結果，各環境ストレス下において種特異的に発現する遺伝子を得た。今後はこの候補遺伝子群を解析し，新規ニッチ進出における機能を理解する。

P-073Y

Acquisition of intestinal protist-bacterial complexes in the common ancestor of termites and Cryptocercus cockroaches; the origin of subsociality
シロアリとキゴキブリの共通祖先における腸内原生生物-細菌複合共生系の獲得と亜社会性の起源

○丸岡直弥[1], 猪飼桂[1], 工藤凛平[1], 小野内思有[1], 大熊盛也[2], 本郷裕一[1,2]

[1]東工大・生命理工, [2]理研・BRC-JCM

シロアリとキゴキブリは難分解性である木材のみを餌として生育・繁殖する。木質の消化は主に腸内に共生する原生生物群集が担っており，これらの原生生物群集は，シロアリとキゴキブリの共通祖先から肛門食を介して子孫へと受け継がれてきた。また興味深いことに，原生生物の細胞には多様な系統の細菌が共生し，原生生物と相互作用している。

我々は，シロアリ・キゴキブリ間で腸内原生生物に共生する多様な細菌がそれぞれ近縁な系統関係にあることを明らかにした。このことは，原生生物群集と共にそれらの共生細菌も共通祖先から受け継がれてきたことを示唆している。

共通祖先は，高効率な木質消化のための原生生物-細菌共生複合系を獲得し，世代を超えて維持することで生態学的ニッチを拡大したと考えられる。それに伴い，長期間安定的に肛門食を行うために，現代のキゴキブリで観察されるような亜社会性（親が子の世話をする習性）が形成された可能性がある。

P-074Y

Mechanisms of defecation inhibition of larvae of *Kulixalus eiffingeri* and its adaptive significance.
ファイトテルマータに棲むアイフィンガーガエルの排便抑制機構とその適応的意義

○伊藤文[1], 岡田泰和[1]

[1]都立大・院理

アイフィンガーガエルは幼生がファイトテルマータと呼ばれる竹の切り株や木の洞などの樹上の小さな水場で母親の栄養卵を食べ育つ。狭小な水場環境では水を汚さずに利用することが重要である。本研究では，特に窒素化合物の排出様式に注目し，本種の特徴を調べた。一般的なカエルの幼生は窒素排出を NH_3の形で行う。幼生は高濃度の NH_3に晒されると死亡するが，多くの種は開放的な水場で暮らし，便を排出しても水場を汚すことは少ない。面白いことに，筆者らの観察で本種幼生が固形の排泄物を出さずに変態まで成長することがわかった。これは，小さな水場での排泄による急速な NH_3暴露を抑え，水質を維持させるための適応形質だと考えている。筆者らは他種カエルの幼生と本種幼生の飼育水中 NH_3濃度の比較から水質変化を定量した。さらに，本種幼生の消化管を形態的に観察し，排便抑制の形態学的特徴を調べた。本発表では，その結果についてお話しする。

P-075Y

Absence of “menopause” in workers of a queenless ponerine ant *Diacamma cf. indicum*
トゲオオハリアリのワーカーに”閉経”はあるのか？

○岸野紘大[1], 岡田泰和[1]

[1]都立大・院理

社会性膜翅目の多くの種のワーカーは，加齢に伴い若齢期とは異なる行動パターンを示す事が知られている。また行動パターンの変化に伴い，繁殖活性が低下する事が示唆されている。しかし，アリにおいて老化と繁殖能力の直接的な関係を調べた詳細な研究事例はない。本研究では，形態的な女王が存在しないトゲオオハリアリにおいて，ワーカーの生殖能力と日齢の関係性を調査した。長期間の実験室飼育によってワーカーの日齢を正確に記録し，いくつかの女王なしサブコロニーを作成してワーカー産卵を誘導した。その結果老齢ワーカー(252日齢以上)のみで構成されたサブコロニーでも，少なくとも1個体の卵巣の発達が見られた。興味深いことに，若齢ワーカーがいる環境では，老齢ワーカーの卵巣発達は抑制された。これらの結果より，トゲオオハリアリは，老齢ワーカーの卵巣活性は低いものの，生殖能力自体は生涯維持されていると考えられる。

P-076Y

Vertebrate life history shows two types of phenotypic diversity in various levels of taxonomic rank
脊椎動物の生活史には分類階級によらない 2 種類の表現型多様性が存在する

○新垣大幸[1,2], 藤本仰一[2]

[1]大阪大・院理, [2]広島大・院理

生活史は個体の一生を表し，多様性が存在する。先行研究から，生活史は時間に関係する表現型と，出産に関連する量の二次元で表せることがわかっている。しかし，時間に関係する量と出産数の間に，どのような関係が存在するのかは明らかになっていない。そこで，本研究は脊椎動物の生活史に着目し，データベースを解析したところ，脊椎動物には様々な分類群に共通して，性成熟期か出産数の片方のみが多様化する性質が存在することがわかった。次に，このような性質がどのような生態学的状況から生まれるのか探るため，個体群動態に年齢分布を考慮した，マッケンドリック方程式を用いた。この方程式をオイラー＝ロトカ方程式に単純化し，データから得られた関係式を代入したところ，自然増殖率が極めて小さな値から大きくなるにつれ，生活史の分布が哺乳類様から爬虫類様に変化することがわかった。また，環境収容力を考慮した場合の結果についても紹介する。

P-077Y

Division of labor among subcastes of ants *Camponotus yamaokai* based on fat bodies.
ヤマヨツボシオオアリのサブカースト間における労働分業及び脂肪体の比較

○川本高司[1]，岡田泰和[1]

[1]都立大・院理

一部のアリはワーカー間で形態的に異なるサブカーストを持ち，小型であるマイナーワーカーと，大型で主に頭部が発達したメジャーワーカーに分かれる。メジャーは巣の防衛や貯蔵，餌の解体などの専門的役割が知られている。本研究ではワーカー間で明瞭な二型があるヤマヨツボシオオアリを対象に，メジャーの役割を明らかにするため，サブカースト間で採餌，防衛行動や脂肪貯蔵機能を比較した。行動観察から，メジャーは巣外に出ることはほとんどなかった。脂肪体の組織レベルの観察では，老齢のマイナーでは脂肪体の縮小や脂肪量の減少が見られ，これは典型的なワーカーの加齢に伴う変化だった。一方でメジャーでは齢依存の生理的変化は小さかった。これらの結果より，本種のメジャーは生涯を通して外勤化が起こらず巣内での仕事を担っている可能性がある。しかし，本種のメジャーの脂肪貯蔵の専門性については，体脂肪率の視点からは特殊化していなかった。

P-078Y

Detection of mutations involved in color ornamentation polymorphism in the guppy, *Poecilia reticulata*, by GWAS
GWAS によるグッピーの色彩装飾形質の多様性に関与する変異の検出

○川本麻祐子，内田悠奈，石井悠，河田雅圭

東北大・院生命

グッピーのオスは黒や青，白，オレンジ色といった鮮やかな体色をもち，メスはオレンジスポットを重視して配偶者を選択する。オレンジスポットの面積や体表上での位置は父から息子へ遺伝することが知られるが，その多様性の遺伝的基盤は明らかになっていない。
本研究ではゲノムワイド関連解析 (GWAS) により，オレンジ面積や位置と相関する一塩基多型 (SNP) の検出を試みた。オス85個体の全ゲノム配列から検出した1,030,414 SNP の中で，各個体の体表の画像から測定したオレンジ面積・位置と強く相関する SNP を特定した。その結果，面積と相関する SNP は常染色体の22番染色体に，位置と相関する SNP は性染色体の12番染色体上に集中して位置することが明らかになった。オレンジ位置は性染色体を介して父から息子へ遺伝するという先行研究が裏付けられた一方，面積とは異なる遺伝的制御を受ける可能性が示された。

P-079Y

Evolution of leaf venation architecture with climatic niche shift in angiosperm trees
樹木における気候ニッチの変化に伴う葉脈構造の進化

○佐々木陽依[1]，山尾僚[2]

[1]京大・院理，[2]京大・生態研センター

葉脈は，光合成器官である葉において物質輸送と機械的支持を担う重要な組織である。葉脈の分岐パターン（葉脈構造）は，brochidodromous（ループ型），craspedodromous（ツリー型），semicraspedodromous（複合型）の3タイプに分類され，植物の環境適応に寄与していると考えられている。しかし，葉脈構造の進化を駆動した環境要因や葉脈構造と他の適応形質との進化的関係について全く検証が進んでいない。本研究では，2,099種の木本被子植物を対象とした葉脈構造のデータベースを構築し，葉脈構造と気候ニッチ（熱帯・温帯）の進化的関係を解析した。その結果，共進化モデルを用いた解析では，ツリー型は熱帯から温帯へ気候ニッチが進化する頻度が高く，気候ニッチによらずループ型に進化した頻度が高かった。一方でループ型は温帯でのみ複合・ツリー型に進化することが明らかになった。

P-080Y

Outbreak of a tramp ant in the hybrid zone between endemic and exotic lineages

○ Po-Wei Hsu[1], Jeffrey Sosa-Calvo[2], Shu-Ping Tseng[3], Seiki Yamane[4], Ted Schultz[2], Chung-Chi Lin[5], Shigeto Dobata[1], Chin-Cheng Scotty Yang[6]

[1]Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo, [2]National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, USA [3]Department of Entomology, National Taiwan University, Taiwan [4]Haruyama, [5]National Changhua University of Education, Taiwan [6]Virginia Polytechnic Institute and State University, USA

Invasive species can trigger multifaceted evolutionary consequences. Among which, hybridization between introduced and native species/lineages can potentially facilitate the invasion process through heterosis. Here, we report an new outbreak of the tramp ant species, *Technomyrmex albipes*, in Southern Taiwan. By examining genetic structures of mitochondrial cox1 haplotypes and ultraconserved elements (UCEs), we have found that this outbreak occurred in the contact zone between two distinct lineages, and one of which was likely introduced. The introduced lineage was identified by its irregular distribution pattern relative to other lineages, which deviates from our understanding of Taiwanese biogeography. Comparison of genetic data throughout the entire Indomalaya region suggested that the Malay Peninsula could be the origin of the introduced lineage. Our findings present an instance of an invasion facilitated by hybridization, aiming to facilitate future research on the underpinning mechanisms of heterosis.

P-081

Gene gain and loss involved in adaptive evolution to shaded forest or open habitat in *Anolis* lizards
アノールトカゲにおける森林内外への適応進化に関わる遺伝子の獲得と喪失

○金森駿介，河田雅圭

東北大・院・生命

生息地の樹木の被覆度や温度などが種間で多様であるアノールトカゲは，陸生の外温性脊椎動物の環境への適応進化機構を調べる上で良いモデルである。これまでの研究で，森林内よりも林縁や開放部に生息する種の重複遺伝子率が高い傾向にあることが示されているが，生息環境への適応進化に伴い獲得・喪失した遺伝子や，重複後の遺伝子の進化の検討が十分に進められておらず，森林内外への適応と遺伝子の獲得・喪失との関連については未解明な点が多かった。そこで，まず，遺伝子系統樹をもとに，アノールトカゲにおける遺伝子の獲得・喪失過程を推定した。その結果，別の系統の似た環境に生息する種において，平行して重複や喪失が起きた可能性のある遺伝子が複数推定された。それらの結果と合わせ，遺伝子の重複や喪失過程の推定結果の検証や，遺伝子重複後の正の自然選択の検出の解析についても議論したい。

P-082

A novel function and transmission mode in gut symbiont of the Japanese queenless ant, *Diacamma* cf. *indicum*.

○下地博之[1]，山下倫桜[2]，石塚優介[2]，仁科晏香里[2]，伊藤英臣[3]，松浦優[1]，菊池義智[3]

[1]琉球大，[2]関西学院大，[3]産総研

The symbiotic relationship between insects and bacteria is diverse and contributes significantly to the fitness of the host, involving aspects such as life history and nutritional supplementation. In social insects such as ants and bees, symbiotic bacteria are shared among colony members regardless of castes (such as “queen” and “worker”) and are considered to be deeply involved in colony survival. Recently, a specific gut symbiotic bacterium (referred to as Firmicute Symbiont or FS) has been found in the workers of the Japanese queenless ant (*Diacamma* cf. *indicum*). In this study, we investigated the transmission mode to the next generation and the mechanisms maintaining caste asymmetry within generations in the symbiotic relationship through experiments on the acquisition of FS, as well as behavioral observations. Next, we focused on defensive function of FS and performed infection experiments with pathogenic bacteria. Especially, by classifying workers into nurses performing brood care within the nest and foragers performing tasks outside the nest, we examined the differences in the effect between worker castes. Based on these results, we discuss the coevolution of the symbiotic relationship between the host ant species and FS.

P-083

Placement of bait influence ant foraging activity
ベイトの配置パターンはアリの採餌活動に作用する（仮）

○加藤三歩[1]，東濃青児[2]，Aye Thanda Win[1]，鶴井香織[1]，佐藤行人[3]，立田晴記[4]，辻和希[1,2]

[1]琉球大・農，[2]鹿児島大・院連合農，[3]琉球大・医，[4]九州大・院理

ベイト（food attractant）は，アルゼンチンアリやヒアリなど多巣性を示す侵略的外来アリの管理に常用される。しかし，その配置パターンがアリの採食活動に及ぼす影響についてはあまり研究されていない。ここでは，多巣性外来アリ（ツヤオオズアリ）のコロニーにおいて，各巣からアクセスしやすいベイトの栄養成分が異なるとき，採餌活動の専業化が促進される（採餌量が増加する）という仮説を検証した。予想に反して，炭水化物/タンパク質ベイトのうちどちらか一つを巣間隔に合わせて交互に配置した時よりも，それらを併設した時のほうが，ベイト当たりの平均採食量が多くなることが示唆された。また，ベイト併設時のみ，日が経つにつれてベイト採餌量が増加していくことがわかった。これらの発見は，市販主流の低毒性ベイト剤による侵略的外来アリ防除の効率化につながるかもしれない。

P-084

Escape strategies toward host in the parasitic ant cricket
アリヅカコオロギはどのように宿主アリを回避するか？

○田中良弥[1]，佐藤光彦[2]，上川内あづさ[1]，鈴木力憲[3]

[1]名古屋大・院理，[2]かずさ DNA 研究所，[3]東京都医学総合研究所

好蟻性生物は多彩な戦略を用いて宿主アリの知覚を制御することでコロニー内での生活を実現する。寄生性の好蟻性昆虫の多くは宿主を欺くために化学隠蔽や化学擬態を用いることで，働きアリの攻撃行動を抑制している。一方で，こうした化学戦略に強く依存せずに，逃避行動を用いて宿主アリからの攻撃を回避する種も知られているが，具体的な行動戦略には不明な点が多い。サトアリヅカコオロギは主にトビイロシワアリを宿主とする好蟻性昆虫であり，化学戦略よりも素早い移動で宿主の攻撃を回避する。本研究では，サトアリヅカコオロギの宿主・非宿主のアリ種それぞれに対する逃避行動の移動軌跡を取得し，クラスタリング解析により分類を行った。これにより本種は2つの逃避行動を持ち，その出現頻度が宿主・非宿主の間で異なることがわかった。発表では，同定した逃避戦略がどのように宿主の巣内への寄生成功に寄与しているかを議論したい。

P-085

Multi-species interaction study using a gall-forming weevil with a super−nested symbiotic system
マダラケシツブゾウムシ超入子型共生系を用いた多種生物間相互作用研究

杉本凌真[1], 鵜嶋涼[1], 佐野遥太[1], 別所-上原奏子[2], ○土`田努[1]

[1]富山大・理, [2]東北大・生命科学

虫こぶは，昆虫が植物を形態的・生理的に操作することで形成される。形成機構の解明は様々な分野から注目されているが，操作実験が困難なことから，機構の多くは未解明である。我々は，「植物に寄生する植物」アメリカネナシカズラに寄生して虫瘤を形成する，という極めて興味深い生態をもつマダラケシツブゾウムシを実験室で安定して維持する系を確立し，研究を進めている。これまでに様々な操作実験を行い，虫こぶ誘導には成虫が関与し，肥大化には幼虫が関与することを示唆する結果を得た。また，本種ゾウムシの全ての個体には共生細菌 *Sodalis* が存在している。除去実験により，*Sodalis* はクチクラ硬化やゴール形成にも関与することが示された。この植物―寄生植物―昆虫―共生細菌から成る“超入れ子型共生系”を対象として，本会では相互作用機構や宿主側の遺伝子機能解析手法の開発等についても報告したい。

P-086

Quantifying genetic architecture of multilevel selection from genome-wide SNP data
ゲノムワイド SNP 情報から階層的自然選択の遺伝基盤を定量する

○土畑重人[1], 渡邊薫[2], 永野惇[3,4]

[1]東京大・院総合文化, [2]京都大・院農, [3]龍谷大・農, [4]慶應大・IAB

群れ生活を送る生物において，個体の表現型・適応度はその個体自身の遺伝子型（直接遺伝効果）のみならず，群れ内の他個体の遺伝子型からも影響を受けうる（間接遺伝効果）．本発表では，これらの遺伝効果を同時に評価する線形モデルを提案し，野外集団のゲノムワイド一塩基多型（SNP）情報に適用した結果を報告する．解析に用いたのは社会性昆虫の一種アミメアリの野外集団であり，24コロニーの計192ワーカーについて，個体増殖率および ddRAD-seq による SNP 情報を得た．間接遺伝効果としては，アリル頻度のコロニー平均値を用いた．各 SNP サイトの遺伝効果を個々に評価する GWAS 方式，全 SNP サイトの遺伝効果を同時に説明変数に含んだ正則化回帰である genomic prediction 方式の双方にデータを当てはめた．推定された直接・間接遺伝効果の符号に着目しつつ，量的遺伝形質にはたらく階層的自然選択について議論する．

P-087Y

Exploring Host-Parasite Networks of Replicating RNA through Computational Simulations
コンピューターシミュレーションによる自己複製 RNA 分子からなるホスト・パラサイトネットワークの探索

○西田慧[1]，姫岡優介[2]，古澤力[1,2,3]

[1]東大院・理, [2]東大院・生物普遍性機構, [3]理研・BDR

どうやって原始的な生命が複雑さを獲得したのか？近年，原始生命を試験管内で再現した実験系が確立され[1]，協調的な相互作用と寄生的な相互作用を持つ自己複製 RNA 分子からなる複製ネットワークの出現を実験的に示した。しかし，自己複製 RNA 分子の共存に関わるメカニズムはまだ明らかではない。本研究では，コンピューターシミュレーションを用いて自己複製 RNA 分子の集団ダイナミクスを研究し，複雑な複製ネットワークの出現を促進する条件を明らかにした。そして自己複製 RNA 分子の相互作用の強さから，複製ネットワークの構造を機械学習を用いて予測することができることを示した。本講演では，複雑性を促進する条件と複製ネットワークの構造予測をもとに，自己複製 RNA 分子からなるネットワークの進化について議論したい。

[1] Mizuuchi et al. Nature Communications. 2022

P-088Y

What is the dorsal fin of cetaceans? ~ Effects of the presence or absence and bending of dorsal fins on stability~.
鯨類における背ビレとはなにか？～背ビレの有無や折れ曲がりが姿勢安定性に及ぼす影響評価～

○岡村太路[1], 前田将輝[2], 依田憲[1]

[1]名古屋大・院環境, [2]拓殖大・工

鯨類は，胸ビレ・背ビレ・尾ビレの3種類のヒレを持つ．全ての種が胸ビレと尾ビレを持つ一方で，系統的に離れた複数のグループで明瞭な背ビレを持たない種が存在する．また，背ビレが曲がるという可塑性も見られる．背ビレはヨーイングの姿勢安定性に主に寄与するとされるが，形の多様性が姿勢安定性に及ぼす影響は不明瞭な点が多い．本研究では，鯨類の中で最大級の背ビレを持つシャチに注目し，3D モデルを作成した．比較のために背ビレを欠失したモデル，背ビレが曲がったモデルも作成して，各モデルで流れの数値シミュレーションを行い，背ビレを含む各ヒレおよび胴体の安定性を評価した．背ビレにより発生するヨーイングモーメントは，姿勢を維持するには十分でないこと，むしろローリングモーメントに背ビレが寄与することが明らかとなった．この結果は，鯨類における姿勢安定性のために背ビレが進化という従来の説明では不十分であることを示している．

P-089

Dental microwear in a Devonian tetrapodomorph fish, *Eusthenopteron*.

○Tai Kubo[1], Mugino O. Kubo[2], and Lauren Sallan[1]

[1]沖縄科学技術大学院大・マクロエボリューション，[2]東京大・新領域

Dental microwear is microscopic scars on tooth surfaces left by contacts between teeth and abrasive agents. Its shapes and orientations were used to infer jaw movement and diet of fossil vertebrates. We scanned tooth surfaces of multiple species of *Eusthenopteron*, a Devonian lobe-finned fish (Sarcopterygii), using confocal laser microscopes. *Eusthenopteron* is a stem-tetrapodomorph fish, so dental microwear would give us an insight into the feeding ecology of the ancestors of tetrapods. When preserved, dental microwear in *Eusthenopteron* consists of linear scratches that are sparsely distributed on tooth surfaces and angled against the longitudinal axis of tooth. To understand the implication of the orientation of dental microwear of aquatic and semi-aquatic vertebrates with conical shaped teeth, we observed dental microwear of living alligators and fish species. Among alligators, scratches are generally parallel to the longitudinal axis of tooth, while among several fishes that utilize suction feeding, such as brown trout, scratches are generally perpendicular to the longitudinal axis of tooth. Therefore, we concluded that *Eusthenopteron* used some degree of suction feeding and not biting to capture their prey. Abrasive agents, such as prey exoskeletons or sedimentary particles, may have left observed scratches during suction feeding.

P-090Y

Searching plant factor that is defining a form of galls by image and mechanical analyzing
画像解析と力学解析による虫こぶ形態多様性を規定する植物側要因の探索

○高良力樹[1]，田村光平[2]，別所-上原奏子[3]

[1]東北大・理・生物，[2]東北大・東北アジア，[3]東北大・院生命

虫こぶは，昆虫の産卵等により誘導される異形な植物器官で多様な形態が観察される。虫こぶ形態は昆虫種によって異なることから主に昆虫側にその制御要因があるとされてきた。しかし，多数の虫こぶ形態の比較観察から，茎由来の虫こぶは比較的単純な形態を示す一方，葉由来の虫こぶは複雑な形態を示す傾向が見えてきた。このことから，硬い組織からなる茎では虫こぶ形態が単純なものに拘束されるが細胞壁が薄く元々形態可塑性の高い葉では複雑になるような，虫こぶ形態の拘束要因が植物側にあるという仮説を立てた。本研究ではまず，生物多様性観測 SNS に集積された虫こぶ画像を収集し，茎由来・葉由来に分け，フラクタル次元計測を行った。その結果，系統非依存的に葉由来虫こぶは茎由来虫こぶに対し形態の複雑度が高いことが明らかとなった。現在は虫こぶ形態多様性を規定する植物側の生物的・物理的要因の探索を行なっており，その結果も合わせて報告する。

P-091Y

Exploration and functional analysis of genes involved in head dimorphism of horn-headed crickets
オカメコオロギ属における頭部変形遺伝子の探索および機能解析

○米田瑞穂[1]，大出高弘[1]

[1]京都大・院農

本研究では，体の基本的な構造を保ったまま後胚期に局所的な変形を可能にすることで新奇形態形質を獲得するメカニズムの探索を通じ，昆虫の形態多様化の理解を目指している。この目的のため，終齢までは雌雄で大きな形態的差異はないが，成虫で雄特異的に角の獲得と頭部前方の扁平化を示すオカメコオロギ属をモデルとして用いた。まずはじめに，変形時期を特定するために解剖および X 線マイクロ CT による撮影を行い，変形に関与する遺伝子の発現開始時期を終齢3日目と予測した。次に，終齢3日目の雌雄について RNA-seq 解析を行った。比較解析の結果，842個の発現変動遺伝子が検出され，中には頭部形成に重要な役割を担う Hox 遺伝子の1つ，*proboscipedia* (*pb*)も含まれていた。この結果から，頭部形成に重要な Hox 遺伝子および性的二型形成に関する遺伝子について RNAi を用いた機能解析を行った。本会ではこの実験結果について報告する。

P-092Y

Attempt to modify the polka-dotted pattern of a Drosophila fruit fly using the Gal4/UAS system
ショウジョウバエの水玉模様を Gal4/UAS システムで改変する試み

○古関将斗[1]，越川滋行[1,2]

[1]北海道大・環境科学，[2]北海道大・地球環境科学

形態進化の遺伝的要因を理解するためには，遺伝子発現が形態形成を誘導するメカニズムを知る必要がある。ミズタマショウジョウバエが翅にもつ種特異的な水玉模様は形態モデルの1つだが，模様形成に必要な遺伝子発現を同定するための機能解析技術は確立されていなかった。本研究では確立のための第1歩として，機能解析技術である Gal4/UAS システムをこの種に応用して，水玉模様の形成を誘導する遺伝子発現（*wingless*）と模様形成を抑制できるのか検証した。まず，ミズタマショウジョウバエのエンハンサー配列を組み込んだトランスポゾンベクターを用いて，Gal4 系統を作出することに成功した。次に，Gal4系統と UAS-RNAi 系統の交配で生まれた F_1個体を観察したが，遺伝子発現の抑制や模様変異は見られなかった。この要因を RNAi 誘導配列の構造などの観点から考察し，遺伝子発現抑制の実現を目指している。

P-093Y

Evolution of organ size control Hippo cascade unicellular holozoan *Creolimax*
単細胞ホロゾア *Creolimax* の Hippo カスケード解析から明らかにするサイズ制御機構の進化

○古谷寿浩[1], 山崎陽香[2], 宮平松尚[2], 甲斐隆哲[1], 井上茉美[2], 孫正寛[3], 林茂生先生[3], 菅裕[2]

[1]県広大・院総合学術生命システム, [2]県広大・生命環境, [3]理研・多細胞システム形成研究センター

動物が単細胞生物から進化した際, 臓器サイズの制御機構はどのように獲得されたのか？動物に近縁な単細胞ホロゾア *Creolimax fragrantissina* が持つ Hippo カスケードの機能と役割を調べた。Hippo カスケード遺伝子である Hippo, mob1, TEAD を過剰発現させると, 通常細胞膜を裏打ちするアクチンフィラメントの局在が変化し, 細胞は致死となった。ところがこれらの遺伝子と, また別のカスケード構成遺伝子を変異させて過剰共発現させるとこの現象は起きなかった。また, これらの *Creolimax* の遺伝子をショウジョウバエに過剰発現させると, 眼が縮小した。これらの結果から, Hippo カスケードがアクチンを通じて細胞の増殖を制御する機能は, 単細胞生物の時代からすでに確立されており, 動物は進化の過程でこの制御機構を再利用して臓器サイズの制御を行うようになったのではないかと考えられる。

P-094Y

Evidence from ascidians for the shared evolutionary origin of neural crest cells and neuromesodermal progenitors of vertebrates
神経堤細胞と神経中胚葉前駆細胞が単一の進化的起源をもつことを示唆するホヤ胚の神経板境界細胞

○石田祐, 佐藤ゆたか

京大・院理

受精卵のもつ分化全能性は発生過程の進行とともに急速に失われ, ほとんどの細胞は内胚葉・中胚葉・外胚葉のいずれかの発生運命を辿る。しかしながら, 脊椎動物の初期胚における神経堤細胞や神経中胚葉前駆細胞（Neuromesodermal progenitors, NMPs）は, 原腸陥入以降も胚葉を越えた分化多能性をもち続け, 外胚葉と中胚葉の両方へと分化することができる。これらの細胞の分化多能性は脊椎動物内で広く保存されているものの, その進化的起源については明らかではなかった。今回, 我々は, カタユウレイボヤの神経板側方境界に位置する細胞が, 中胚葉由来の細胞である筋肉細胞へと特定化されること, および, 脊椎動物における神経堤細胞と神経中胚葉前駆細胞の両方と性質を共有していることを見出した。この知見をもとに, 脊椎動物における神経堤細胞および神経中胚葉前駆細胞の進化的起源について議論したい。

P-095Y

Diversification of caudal fin ray branching in three-spined stickleback (*Gasterosteu aculeatus*).
イトヨ(*Gasterosteu aculeatus*)における尾びれ鰭条の分枝の多様化

○玉井滉基[1], 石川麻乃[1]

[1]東京大・院新領域

魚類のひれは水中での姿勢制御や遊泳に必須である。中でも尾びれは推進力を生む器官であり, 幅広い系統間で様々な形態が進化してきた。しかし, その多様性を生み出す分子遺伝機構の多くは明らかになっていない。 そこで本研究では, これを解明するモデルとしてトゲウオ科イトヨに着目した。イトヨは元来, 海と川を行き来する遡河回遊型だが, それらから川や湖などで多様な淡水型が何度も進化してきた。イトヨの生息地は流速や水深などが多様であり, 尾びれに個体群間で違いがあると予想された。日本と北米の複数の遡河回遊型と淡水型の尾びれを解析すると, 鰭条の分枝パターンに多様性が見られた。特に, 回遊型より防御形質が縮小した岐阜県の淡水型では鰭条の2回目の分枝を持つ個体の割合が著しく高く, この淡水域では他とは異なる遊泳や逃避に関わる適応進化が生じている可能性がある。今後は分枝パターンの違いを生む原因遺伝子・遺伝子座の同定を行う。

P-096Y

Functional analysis of *Capsaspora* laminin-like genes reveals the origin of basement membrane
単細胞ホロゾアカプサスポラのラミニン様遺伝子の機能解析から迫る基底膜の起源

○傳保聖太郎[1], 小野あおい[2], 福原光海[2], 黒木義人[3], 阿形清和[4], 松崎秀紀[5], 八木俊樹[5], 菅裕[5]

[1]県広大・院総合学術・生命システム, [2]県広大・生命環境・生命科学, [3]総研大・生命科学・基礎生物, [4]基生研, [5]県広大・生物資源・生命科学

動物は単細胞生物から進化したと考えられているが, その進化メカニズムは明らかになっていない。単細胞ホロゾアに属するカプサスポラは動物に近縁な単細胞生物であり, 多細胞性構築に必要な遺伝子と相同性のある「多細胞的な遺伝子」を多く持っている。これらの遺伝子を動物の遺伝子と比較解析することで, 単細胞生物が持つ遺伝子がどのように機能転換することで多細胞性を獲得したのかを明らかにすることができる。本演題では細胞接着, 特に動物の基底膜を構成するタンパク質のラミニンに着目し, ラミニン G ドメインを持つカプサスポラのラミニン様遺伝子を解析した。局在解析やヘテロノックアウト個体の解析などから, このタンパク質が細胞膜上にて群体形成能に関わることを明らかにした。細胞外の環境変化を感知して能動的に生活環を移行させる因子であったと思われるこの遺伝子が, 動物では基底膜の形成に再利用されて多細胞化が達成された可能性がある。

P-097Y

Contextualizing Motion Space of Ant Mandibles in an Evolutionary Framework

○Henry Cerbone, Julian Katzke, Evan P. Economo

Biodiversity and Biocomplexity Unit, OIST

Ant mandibles have evolved to allow for a diverse range of functions from cutting to carrying to fighting. Key to the morphology of ant mandibles is a modified dicondylic joint featuring a dorsal articulatory surface. This is mirrored in the musculature morphology in the condensing of the opener muscle to the atala. We hypothesize that ants have a greater diversity of motion in their mandible kinematics. Building on previous work, we set out to characterize the range of three-dimensional kinematics across across ant families and mandible geometries and among several Hymenopteran clades for a broader phylogenetic context. To perform this classification, we make use of microCT scan data of both closed and open states of the mandible to generate three-dimensional models of both the head and the mandible for a variety of species of ants. With these models, we are able to perform three-dimensional interpolation between these open and closed states. Interpolation is done using both an idealized method through spherical linear interpolation and true-to-life by iteratively building up the set of rotations needed to transform the mandible from closed to open without intersecting the head. This yields a path in three-dimensional space that is most likely to be true-to-life.

P-098Y

Molecular basis of sea turtle flipper
ウミガメの鰭状肢をつくり出す分子基盤の探索

○佐藤大夢[1], 樋渡結衣[2], 奥山健太郎[3], 土岐田昌和[2]

[1]東邦大・院理・生物, [2]東邦大・理・生物, [3]新潟大・院医歯学総合・組織学

陸から海へと戻った羊膜類（爬虫類，鳥類，哺乳類）では海洋環境への適応形質が複数みられる。その一つが水中での推進力を生み出す鰭状の四肢である。ウミガメ類では，一般的なカメとは異なり，第2～4指の指骨が伸長することで手足が拡大し，第1，2指の末節間以外の指間部が結合組織と皮膚で充填されることで鰭となっている。しかし，ウミガメ類の鰭状肢がいかにして作り出されたのかについてはよくわかっていない。

演者らは，鰭状肢をもつアオウミガメと鰭状になっていない四肢をもつスッポンおよびクサガメの胚の前肢自脚部から total RNA を抽出し，RNA-seq を行うことにより，トランスクリプトームを種間比較した。アオウミガメでのみ発現量が上昇している複数の遺伝子を特定し，それらの発現パターンを3種の胚で調べた。解析結果をもとに，海洋進出を果たしたウミガメ類の鰭状肢の獲得機構を考察したので報告する。

P-099Y

Synovial joint development regulated by mechanical stress
力学的ストレスによる滑膜関節の発生の制御

○川原大和，岩重日奈子，平沢将大，湯玲子，河西通，田中幹子

東京工業大・生命理工

脊椎動物は鰭から四肢への進化の過程で，滑膜関節を獲得したことにより四肢の可動域を広げ，生活様式を多様にした。ニワトリやマウスにおいて，四肢の滑膜関節が正常に形成されるためには，発生中の胚が四肢を動かすことにより生じる力学的ストレスが必要であるが，その分子機構は明らかにされていない。そこで我々は，滑膜関節の正常発生における力学的ストレスの作用機序を解明することを目標として，発生中のニワトリ胚の四肢を題材に研究を行うこととした。この目的で，各発生段階においてニワトリ胚の四肢の動きを筋弛緩薬により抑制し，力学的ストレスによって発現が変化する可能性のある遺伝子について，その発現パターンを解析した。本発表では，これらの結果をもとに，力学的ストレスが作用する滑膜関節形成の発生段階とその分子機構について議論したい。

P-100Y

Gene expression analysis of β-glucosidase in the termite Zootermopsis nevadensis

○芦原流聖[1]，藤原克斗[1]，前川清人[2]

[1]富山大・院理工，[2]富山大・学術・理

シロアリの社会性進化には，遺伝子重複に起因するパラログ間の機能分化が重要だったことが示唆されている。そのような遺伝子の例として，β-グルコシダーゼ（BG）が挙げられる。一般的には木材分解（セルラーゼ）の機能を持つが，職蟻の行動を調節する女王フェロモンとして働く可能性も指摘される。しかし，そのような BG の発現部位や詳細な役割が明かされた例はない 。ネバダオオシロアリは，ゲノム解読済みで，兵隊や二次生殖虫の分化に女王の存在が必要であり，重要な解析対象となる。そこで，本種の女王フェロモン候補の BG に注目し，発現と機能の解明を試みた。まず，ゲノム配列から7つの BG を取得した 。カースト・性・部位（頭部と胸腹部）別の RNA-seq の結果，女王の胸腹部で特異的に高発現するパラログが得られた。本発表では，女王への RNAi による兵隊と二次生殖虫の分化への影響を調べた結果を元に，BG の機能を考察する。

P-101Y

An approach to elucidate the evolutionary process of synovial joints in vertebrates
付属肢の滑膜関節の進化プロセスの解明に迫る

○平沢将大，上原克也，湯玲子，河西通，田中幹子

東京工業大・生命理工

脊椎動物は鰭から四肢への進化の過程で，可動性の関節である滑膜関節を獲得したことで，付属肢（対鰭や四肢）に手首と足首を有するようになり，活動範囲の拡大と生活様式の変化をもたらした。しかしながら，滑膜関節の進化のプロセスはほとんど明らかにされていない。そこで我々は，滑膜関節の進化のプロセスを明らかにすることを目的に，分岐年代の異なる条鰭類－ポリプテルス，アミア，ゼブラフィッシューの胸鰭を題材に本課題に取り組むこととした。これら3種の条鰭類の胸鰭の骨格要素の組織学的解析を行ったところ，すでに滑膜関節様の関節の存在が報告されていたゼブラフィッシュに加え，ポリプテルスとアミアにも滑膜関節の特徴の一部を備えた関節が確認された。本研究では，これらの関節やその周辺の組織の観察結果とゼブラフィッシュを用いた機能解析の結果をもとに，滑膜関節の進化のシナリオを提唱したい。

P-102Y

Development of motor neurons controlling movement of paired appendages
鰭や四肢の動きを制御する運動神経の進化

○吉岡優美[1]，高木亙[2]，兵藤晋[3]，田中幹子[4]

[1]東京工業大・生命理工，[2]東京大・大気海洋研究所，[3]東京大・大気海洋研究所，[4]東京工業大・生命理工

脊椎動物は，鰭を四肢へと進化させたことにより，陸上歩行が可能となったが，歩行に適した筋肉を動かすためには，新しい神経制御機構の構築が必要であった。しかし，運動神経の発生を司る分子メカニズムがどのように進化してきたか明らかになっていない。そこで我々は運動神経の進化のプロセスを明らかにすることを目的に，軟骨魚類トラザメ胚（Scyliorhinus torazame）と四肢動物ニワトリ胚を題材として本課題に取り組むこととした。まず，ニワトリ胚の各発生段階について，運動神経の分布を調べたところ，四肢に投射する運動神経は，発生初期では脇腹にも存在していたものの，発生が進むにつれて減少していくことが確認された。さらに，トラザメ胚でも，同様に対鰭に投射する運動神経が，発生初期では脇腹にも存在していたことが確認された。本発表では，得られた結果をもとに，鰭から四肢への進化の過程における運動神経の進化のプロセスについて議論したい。

P-103Y

Evolution of neural circuits involved in the pheromone-information processing for species discrimination
同種と異種の識別に用いられるフェロモンの情報処理に関わる神経回路の進化

○伊東和貴[1]，望月香里[1]，前田直希[1]，上川内あづさ[1]，石川由希[1]

[1]名古屋大・院理

種の識別に用いられるシグナルは種間で多様化しているが，その情報処理を担う神経回路の進化はどのように起こるのであろうか。本研究ではキイロショウジョウバエ（キイロ）と，姉妹種オナジショウジョウバエ（オナジ）を用いてこの謎に取り組んだ。

オナジや雑種は，キイロのフェロモンにより求愛活性を低下させる。雑種においてフェロモンの情報処理を行う神経回路を調べたところ，特定の神経接続が喪失している可能性が示唆された。さらに本来フェロモンにより求愛活性を上昇させるキイロにおいて，この神経接続を人為的に喪失させ，フェロモン入力を再現すると，求愛活性が低下した。このことから接続の喪失がフェロモン選好性を正から負へ変化させることが示唆された。さらにオナジにおいて，キイロに対する求愛抑制を行う味覚ニューロンを特定した。これら2種のフェロモン情報処理に関わる神経回路には複数の異なる変化が生じていることがわかった。

P-104

Molecular evolution of diaph genes and left-right evolution of gastropoda snails
diaph 遺伝子の分子進化と腹足綱巻貝の左右性進化について

○野田武志[1,2]，佐藤矩行[1]，浅見崇比呂[2]

[1]沖縄科学技術大学院大・マリンゲノミクスユニット，[2]信州大・理

巻貝は顕著な左右の体制の違いを持つ。左右の極性は殻の巻き方向にあらわれ，殻の先端を上にしたときに開口部が右に来るのが右巻き，左に来るのが左巻きである。この左右極性は通常種ごとに一方向に決まっているが，まれに左右が逆転する進化がおこる。

近年，モノアラガイで，左巻き祖先種から右巻き種（グループ）への進化を引き起こした遺伝子 ldia2(diaph)が同定された。この遺伝子はモノアラガイ祖先で遺伝子重複がおきており，その重複が左右の逆転にとって重要であったと考えられている。

今回，我々は,腹足類における左右が逆転する進化へのdiaph の遺伝子重複の影響を調べるために，diaph の分子進化を調べた。それにより，モノアラガイを除き，diaphの重複や欠失が左右性の進化の主要な要因ではないことを示唆するデータが得られた。今回の結果から腹足類巻貝の左右を逆転する進化をもたらす遺伝子について議論したい。

P-105

Evolutionary and developmental implications of matrix proteins found in calcareous exoskeletons of molluscs and the annelid Spirobranchus kraussii

○宮本裕史

近畿大・生物理工

硬組織の材料としての多様性は，硬組織形成を統一的に理解することを困難にさせる理由の一つであり，研究を進める上では同じ材料から構築される硬組織に着目することが望ましい。その点で炭酸カルシウムからなる硬組織は利点が大きい。炭酸塩骨格をつくる生物は多くの分類群にみられ，微細構造や分子レベルでのメカニズムについて，系統発生的に議論することに意味が生じてくる。興味深いのは，無脊椎動物全体を見渡したとき，炭酸塩骨格をつくる分類群とつくらない分類群のそれぞれが，必ずしも単系統を構成するとは限らないことである。本研究では，炭酸カルシウム骨格形成に関わる遺伝子ツールキットの進化に関して理解を深めるために，軟体動物の貝殻と環形動物の棲管に着目し，両者の硬組織形成関連タンパク質の類似性について検討した。

P-106

Formation of the penguin flipper
海中飛翔を可能にしたフリッパーの形成：ペンギンの進化発生学

○土岐田昌和[1]，山口秀真[1]，佐藤大夢[2]

[1]東邦大・理・生物，[2]東邦大・院理・生物

羊膜類（爬虫類，鳥類，哺乳類）のいくつかの系統はかつて祖先が暮らしていた海へと生活の場を戻した。彼らに共通してみられる海洋環境適応形質の一つが水中での推進力を生み出す鰭状の四肢である。ペンギン類は海洋環境への再進出を果たした鳥類の一系統であり，その前肢は骨が扁平で，骨の周囲が結合組織で満たされ硬化し，風切羽をもたず，フリッパーへと変化している。しかし，ペンギン類のフリッパーがいかにして作り出されたのかについてはよくわかっていない。本研究では，フリッパーをもつフンボルトペンギンと一般的な翼をもつウズラならびにオカメインコの胚を材料に用いて，前肢形成パターンの種間比較を行うことで，ペンギン類におけるフリッパー形成機構について考察した。

P-107

Symbiotic dynamics of obligate symbiotic bacteria *Stammera* in tortoise leaf beetle
カメノコハムシ類における必須共生細菌 *Stammera* の共生動態

○小口晃平[1]，春本敏之[2]，松浦優[3]，深津武馬[4]

[1]東大・院理，[2]京大・白眉，[3]琉球大・熱生圏，[4]産総研・生物プロセス

植食性昆虫であるカメノコハムシ類は前腸と中腸の接合部に位置する共生器官に共生細菌 *Stammera* を保持し，これらが植物の消化酵素を合成することで宿主の成長を助けている。さらに *Stammera* は，母虫の卵巣に付随する伝達器官から卵表面にカプセルとして産み付けられ，孵化直後の幼虫がカプセルを食べることによって垂直感染する。そのため *Stammera* は細胞外共生細菌であると考えられてきた。しかし，蛍光 *in situ* hybridization 法や透過型電子顕微鏡を用いた組織観察により，祖先的なカメノコハムシの一種アカヒラタカメノコハムシ *Notosacantha ihai* では共生器官の宿主細胞内に *Stammera* が確認された。さらに本種のメス成虫の伝達器官や卵表面のカプセルにおいては細胞外に共生していることが観察されたことから，本種の *Stammera* は宿主の発生段階に応じ細胞内外を行き来することが示唆された。本発表では，より派生的な種における観察結果と比較し，カメノコハムシ類と *Stammera* の共生関係の進化的起源と維持機構について考察する。

P-108

Are echinoderm embryos more evolutionarily derived than chordate embryos? – Let's distinguish "conservation" and "derivedness"

○ Jason Cheok Kuan Leong[1,2], Masahiro Uesaka[3,4], Echinoderm Genomes Sequencing Consortium, Naoki Irie[1,2,5]

[1]東大・生物科学専攻，[2](現)総研大・統合進化科学研究センター，[3]理研 BDR，[4](現)東北大・生命科学研究科，[5]東大・生物普遍性研究機構

Which embryo of which species evolved more from the common ancestor? For example, echinoderms achieved an exceptional five-fold symmetrical body plan despite being bilaterian animals – are their embryos more evolutionary derived than the sister group (chordates), i.e., did the way how they form their bodies accumulate much more evolutionary changes than chordates? In order to answer this, methods to evaluate their "evolutionary derivedness" have to be devised. Previous approaches mainly list up individual traits while comparing their embryonic phenotypes, but this can be highly arbitrary, and no consensus has been made to address this issue. Importantly, to evaluate "derivedness", a conceptual ambiguity with the concept of "evolutionary conservation" has hindered biologists to use proper methods to tackle this question. We therefore discuss the essential difference between "conservation" and "derivedness", and highlight the necessity for the development of more derivedness-oriented molecular methods in the genomics era. In brief, "conservation" represents information retained during evolution while "derivedness" represents evolutionary changes which additionally cover information that is not shared among the species being compared. As an application of the concept, we devised a method to estimate the degree of derivedness of embryos to evaluate whether echinoderms are more derived than chordates or not.