

第6回 Evo-devo青年の会



新奇性の生まれるとき

The Emergence of Evolutionary Novelties



2013.07.13-14 12:00-

東京大学三崎臨海実験所

オーガナイザー：宮本 教生 (JAMSTEC)

：石川 由希 (東北大)

-- 企画主旨 --

生物は、進化の過程でしばしば祖先系統や近縁系統には全く見られない新しい形質を獲得し、適応放散してきた。このような形質は“(進化的)新奇性 evolutionary novelty”と呼ばれ、多くの進化学者を魅了してきた。新奇性に関するさまざまな定義は、昆虫の翅、哺乳類の乳腺、鳥類の羽毛のような「発生的な非 相同性」に着目したものと、飛翔、食性の変化、社会性のような「機能」に着目したものの2つに大別できる。どちらの定義においても、これらの形質の進化的変化が非連続的に起こっているようにみえることが、新奇性が我々に投げかける謎の源であろう。このような非連続的な進化的変化が、どのようなゲノムあるいは発生/生理/分子メカニズムの変化によって獲得されるのか、これは進化発生学の最も大きな命題の一つである。

これまで新奇性の起源の解明を困難にしてきたのは、非モデル生物に導入できる分子生物学的ツールの少なさである。しかし近年の大規模シーケンスやゲノム編集、イメージング技術の発展により、生物の持つ多様な新奇形質を遺伝子レベルで解明することが可能になりつつある。本研究集会では、食虫植物、細胞内共生、求愛行動などそれぞれ独自のモデル系を用いて、新奇性の進化にアプローチしている若手研究者に話題提供をしていただく。さらに、進化的キャパシターや遺伝子制御ネットワークの隠蔽機能など、新奇性の獲得の背景にあるメカニズムについてもとりあげる。実際の生物を扱った研究とモデルとを融合させることにより、これからの進化生物学が「新奇性の生まれるとき」にどのようにアプローチできるかを共に考えたい。

プログラム
7月13日(土)

- 12:00 企画説明
- 12:15 講演 福島 健児 (基礎生物学研究所)
「何度も生まれる新奇形質：食虫植物における消化酵素の進化」
- 13:15 講演 宮城島 進也 (国立遺伝学研究所)
「真核細胞と細胞内共生由来オルガネラの分裂・増殖協調機構」
- 14:15 講演 小金澤 雅之 (東北大学)
「ショウジョウバエにおける“種特異的”求愛行動パターンを生み出す神経基盤」
- 15:15 講演 高橋 一男 (岡山大学)
「進化的キャパシターの探索と隠蔽変異による新奇性進化の可能性」
- 16:15 講演 岩寄 航 (東北大学)
「隠蔽変異を介して相互に促進される生命システムの複雑化と多様化」
- 17:15 総合討論
- 18:00 懇親会 (ポスター発表)

7月14日(土)

- 9:30 講演 田辺 晶史 (水産総合研究センター・中央水産研究所)
「分子系統樹推定法とその応用：最近の研究動向と将来の方向性」
- 10:30 講演 渡辺 崇人 (徳島大学)
「ゲノム編集革命～非モデル生物の逆襲～」
- 11:20 一般講演 TBA
- 11:35 一般講演 TBA
- 11:50 閉会

何度も生まれる新奇形質：食虫植物における消化酵素の進化
Repeated evolution in the digestive enzymes of carnivorous plants

福島 健児
Kenji Fukushima



¹ 基礎生物学研究所 National Institute for Basic Biology

² 総合研究大学院大学 生命科学研究科 基礎生物学専攻 Department of Basic Biology,
School of Life Sciences, The Graduate University for Advanced Studies

³ 日本学術振興会特別研究員 JSPS Research Fellow

生物の進化において、新たな形質の進化は新たなニッチへの適応を可能にしてきた。複数の生物種が類似した環境へ適応する場合、機能的に同等だが相同性のない新奇形質が複数回出現することがある。このような進化プロセスは反復進化 (repeated evolution) と呼ばれ、異なった湖におけるシクリッドの形態進化 (Muschick et al., 2012. *Curr Biol*) や、ドクチョウのミューラー型擬態における斑紋形成 (Reed et al., 2011. *Science*) に見ることができる。植物の食虫性は反復進化の一例であり、虫を食べる能力を持たない祖先から6回以上独立に進化した (Albert et al., 1992. *Science*)。これらの植物は動物をも栄養源とすることで、その他の植物にとって生育が困難な貧栄養環境へと適応している。食虫植物はどの系統においても、獲物を誘引、捕獲、消化し、分解産物を吸収する能力を有するが、このような複雑な形質がいかにして複数回生じたのかは明らかになっていない。そこで我々は、複数回進化のメカニズムを探るため、食虫植物の消化酵素に焦点を当てて研究を行ってきた。発表では、消化酵素の解析から見えてきた食虫植物の反復進化について議論する。

真核細胞と細胞内共生体由来オルガネラの分裂・増殖協調機構

Coordinating mechanisms of eukaryotic cell and endosymbiotic organelle proliferation

宮城島 進也

Shin-ya Miyagishima

国立遺伝学研究所

特任准教授

National Institute of Genetics

Project Associate Professor



ミトコンドリアと葉緑体は、10億年以上前に、それぞれプロテオバクテリアとシアノバクテリアが真核細胞内に共生して誕生した。その他、真核細胞が細胞内共生により、新機能を獲得する例は広く見受けられる。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞の分裂増殖に伴った、共生細胞の分裂・増殖の制御が必須である。我々は、これまでに、葉緑体分裂及びミトコンドリア分裂が宿主核コードのタンパク質群によって形成される分裂装置によって引き起こされることを明らかにしてきた。現在、主に単細胞紅藻 *Cyanidioschyzon merolae* を用いて (1) 宿主細胞分裂周期による葉緑体分裂の制御機構、(2) 葉緑体の光合成活性が宿主細胞周期進行に与える影響を解析し、宿主・共生体分裂同調が、共生体と宿主双方の関与によって如何にして成り立っているのかを解明するための研究を進めている。本講演では、これらの結果について紹介すると共にその進化過程について考察する予定である。

ショウジョウバエにおける"種特異的"求愛行動パターンを生み出す神経基盤
Neural basis of "species-specific" courtship pattern in *Drosophila*

小金澤 雅之

Masayuki Koganezawa

東北大学大学院生命科学研究科

准教授

Graduate School of Life Sciences, Tohoku University

Associate Professor



ショウジョウバエの求愛行動の実現には転写因子をコードする *fruitless(fru)* 遺伝子の働きが鍵となっている。神経系の約2%のニューロンに雄特異的に Fru タンパク質が発現することにより、制御下にある遺伝子群の発現調節を通して性差を持つ神経回路が構築される。これら *fru* 発現ニューロンを強制的に興奮させると、雌が存在しなくとも求愛行動が解発できることが最近明らかとなった。求愛行動のパターンは種によって異なることが多いが、それはどのような神経回路の違いによって生み出せるのだろうか？ *fru* 発現神経回路が求愛行動の中核をなしていると考えれば、行動パターンの違いはその回路構成の差違を原因として生み出されている可能性がある。我々のグループでは、キイロショウジョウバエの中で異なる種の *fru* 発現神経回路をミミックするべく、他種ショウジョウバエの *fru* 遺伝子発現制御配列に Gal4 遺伝子を連結したトランスジーンを導入したトランスジェニックハエを作出した。Gal4 で標識される他種の *fru* 発現神経回路に相当するニューロン群を強制的に興奮させたところ、他種の求愛行動に類似した行動パターンが誘起された。本講演ではこれら *fru* 発現神経回路の強制的活性化実験を紹介するとともに、そこから見えてきた"新奇な"行動パターンが生まれてくる進化的なシナリオを議論したい。

進化的キャパシターの探索と隠蔽変異による新奇性進化の可能性

Search for evolutionary capacitors and potential role of cryptic genetic variation on the evolution of novelty

高橋 一男

Kazuo Takahashi

岡山大学大学院環境生命学研究科・昆虫生態学ユニット

准教授

Laboratory of Insect Ecology, Graduate School of

Environmental and Life Science, Okayama University

Associate professor



遺伝的変異は、生物の適応進化に不可欠である。生物の自然集団における遺伝変異の維持機構は長年研究されて来たが、近年、進化的キャパシターの果たす役割が注目されている。進化的キャパシターは、遺伝的・環境的攪乱を緩衝し、突然変異を隠蔽変異として集団中に蓄積する。現在のところ、分子シャペロンの一つである Hsp90 が、進化的キャパシターの唯一の候補と考えられているが、遺伝変異隠蔽効果は質的形質についてのみ知られており、量的形質については検出されていない。本研究では、キイロショウジョウバエの剛毛、翅形質をモデル系として、量的形質の自然遺伝変異調節機能を持つゲノム領域の探索を行った。その結果、機能喪失時に量的形質の隠蔽変異を顕在化させるゲノム領域が複数特定され、それらの中に新規の進化的キャパシターの候補遺伝子が含まれる可能性が示された。隠蔽変異の顕在化によって、通常範囲から大きく逸脱した形質が形成されれば、種内変異を超えた形質が不連続に進化する可能性もある。このような量的形質の不連続な進化が、新奇性進化につながる可能性についても議論したい。

隠蔽変異を介して相互に促進される生命システムの複雑化と多様化

The Origins of Diversity and Complexity—Cryptic Variations in Gene Regulatory Networks

岩寄 航

Watal M. Iwasaki

東北大学生命科学研究科

博士課程後期

Graduate School of Life Sciences, Tohoku University

PhD student



進化の原動力は遺伝的変異である。しかし生物は突然変異を重ねるだけでどんな新しい表現型でも自由に作り出せるというわけではない。突然変異がゲノム中でランダムに起こるとき、それが表現型に及ぼす影響はランダムでも相加的でもなく、遺伝子と表現型の間を結ぶシステムに由来する制約を受ける。また、新しい表現型の多くは全く新しい遺伝子の獲得によるものではなく、むしろ既に持っている遺伝子セットの発現パターンが変化することによって生じる。したがって、どの遺伝子がいつ、どこで、どのくらい発現するかを司る遺伝子制御ネットワーク(GRN)は、進化における新奇性の鍵を握っていると言える。さらに、GRNは代替経路やフィードバックループなどにより安定化されており、ネットワークの一部に突然変異が起きても簡単には表現型を変化させない。このようなGRNの頑健性が進化キャパシタとして隠蔽変異を蓄積させ、環境変動に応じてその変異を一気に顕在化させることで、適応度の谷を超えるような複雑性の進化が実現すると考えられる。本集会では、GRNが併せ持つこれら2つの性質—頑健性と新奇性—がいかにして生物の多様性・複雑性の進化を駆動しうるのか、個体ベースモデルによる研究を土台として議論したい。

分子系統樹推定法とその応用：最近の研究動向と将来の方向性

Methods in Molecular Phylogenetics and It's Applications: Recent Advances and Perspective

田辺 晶史

Akifumi S. Tanabe

水産総合研究センター・中央水産研究所

任期付研究員

National Research Institute of Fisheries Science, Fisheries Research Agency

Researcher



生物間の系統関係、すなわち系統樹は、生物学研究において必須のものとなっている。というのも、生物学研究の基本は生物を比較することにあるが、系統関係の近い生物は必ず似ているという系統自己相関が存在するため、比較した結果を正しく解釈するには系統樹がどうしても必要になるためである。例えば、系統的に遠い生物が同じ環境に生息し同じ形質を有しているなら、その環境ではその形質が有利になると推測できるが、それらの生物が系統的に近い場合には、単に系統的に近いから同じ形質を有しているだけである可能性が高くなる。しかしながら、全ゲノムの解読が容易になった現在においても、未だに系統樹の推定と応用はそれほど容易にはなっていない。これは、系統樹推定法自体が十分に確立されたものではないということと、得られた系統樹を解釈する「系統樹思考」が十分に普及していないという問題があるためである。本講演では、現在「定石」となっている系統樹推定法、および系統樹を用いたいくつかの解析法を解説した上で、それらの結果を正しく解釈するための系統樹思考法と、将来的な展望について述べる。

ゲノム編集革命～非モデル生物の逆襲～

The Revolution in Genome Editing; The counterattack of non-model organisms.

渡辺 崇人

Takahito Watanabe

徳島大学大学院ソシオテクノサイエンス研究部

学術研究員

University of Tokushima, Institute of Technology and Science

Postdoctoral Fellow



近年、様々な生物において目的の遺伝子を改変する技術として人工ヌクレアーゼを用いた「ゲノム編集」が注目されている。ゲノム編集は、任意の遺伝子を標的として、遺伝子の破壊（ノックアウト）や外来遺伝子の付加（ノックイン）が可能である事から、次世代の遺伝子改変技術として注目されている。ZFN (zinc-finger nuclease)に加え、より標的配列選択の自由度が高く、作成が容易な TALEN (TALE (transcription activator-like effector) nuclease)が開発され、これまで標的遺伝子の改変が困難であった様々な生物や培養細胞でのゲノム編集が競って進められている。さらに、最新のゲノム編集として CRISPR/Cas (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/CRISPR-associated) システムが登場し、益々容易にゲノム編集を行えるようになってきた。

本講演では、まず人工ヌクレアーゼおよび CRISPR/Cas システムを用いたゲノム編集の基本的な原理や現在の状況について紹介する。次に、実際にゲノム編集技術を導入するにあたっての注意点、費用、問題点等を、演者がフタホシコオロギでゲノム編集技術を導入した際の経験を交えながら紹介する。最後に、ゲノム編集コンソーシアムの支援体制やシンポジウムの紹介を行い、ゲノム編集の今後の可能性についても展望したい。