

(社)日本動物学会北海道支部
第54回大会プログラム

日本農芸化学会北海道支部平成20年度合同学術講演会

生化学会北海道支部第45回例会

同時開催

2008年 札幌

8月9日(土)

北海道大学学術交流会館小講堂(1F)

大会日程

| | |
|-------------|-------------------------|
| 9:00 | 受付開始 |
| 9:30—10:45 | 一般講演(午前の部・前半) |
| 10:45—11:00 | 休憩 |
| 11:00—12:30 | 一般講演(午前の部・後半) |
| 12:30—13:30 | 昼休み/役員会 |
| 13:30—14:00 | 総会 |
| 14:00—16:00 | 一般講演(午後の部) |
| 16:00—16:15 | 休憩 |
| 16:15—16:25 | (社)日本動物学会北海道支部優秀発表賞 表彰式 |
| 16:30—18:15 | 特別講演会(小講堂) |
| 18:30—21:00 | 懇親会(中央食堂) |

大会案内

会場へのアクセス

一般講演・特別講演の会場は北海道大学学術交流会館1階小講堂です。また、懇親会場は北海道大学中央食堂です。会場はJR札幌駅、地下鉄「さっぽろ」駅から徒歩10分、北海道大学正門を入ってすぐ左手にあります。乗用車では北大構内へは入れませんので、公共交通機関をご利用ください。会場となる小講堂は学術交流会館正面入口を入って、右側にあります。

受付

受付は小講堂の入口前に設けます。8月9日(土) 9:00から受付を開始します。懇親会費を予め受付でお支払いください。一般の方は4,000円、学生の方は無料となっています。当日参加も受け付けます。

一般発表

会場にはWindowsXPおよびMacOSXのノートPCを用意いたします。発表用のMicrosoft PowerPointファイルは互換性を考慮して、PowerPoint 97~PowerPoint 2003 for Windows 形式もしくは、PowerPoint 98~Powerpoint 2004 for Mac 形式で保存してください。発表用ファイルは、CD-RやUSBメモリに入れてご持参いただき、受付に設置した発表用ノートPCのハードディスクにコピーしてください。その際、動作確認も行ってください。互換性などの理由で、ご自身のノートPCをご持参のうえ、使用していただいてもかまいません。演台に発表用のPCを設置いたしますので、発表者ご自身で操作ねがいます。講演時間は、発表12分、質疑応答3分の計15分です。

休憩室

学術交流会館1階の第4会議室を休憩室にします。コーヒー、紅茶、茶菓などをご用意いたします。

日程

一般講演 午前の部(前半) 9:30-10:45

座長 木村敦(北大・院理)

- | | | |
|-------|-----|---|
| 9:30 | [1] | 川森愛(北大・院生命科学)・○松島俊也(北大・理学) リスク感受性選択:階層ベイズモデルに基づく行動解析 |
| 9:45 | [2] | ○網田英敏(北大・院生命科学)・松島俊也(北大・理学) 競争採餌は衝動性を亢進する |
| 10:00 | [3] | ○松浪庄平(北大・院生命科学)・網田英敏(北大・院生命科学)・松島俊也(北大・理学) 餌パッチ利用とセロトニン系 |
| 10:15 | [4] | ○今井礼夢(北大・院生命科学)・和多和宏(北大・先端生命科学研究院) 小鳥の囀り学習の種特異的拘束 |

10:30 [5] ○森千紘(北大・院生命科学)・和多和宏(北大・先端生命科学研究院)
聴覚剥奪した小鳥の囀り発達変化

10:45 休憩(15分)

一般講演 午前の部(後半) 11:00—12:30

座長 松島俊也(北大・理学)

11:00 [6] ○嶋谷ゆかり(北大・院理・自然史)、竹下毅(北大・院文・地域システム)、
立澤史郎(北大・院文・地域システム)、池田透(北大・院文・地域システム)、
増田隆一(北大・創成研)

糞DNAを用いた釧路湿原に生息するアメリカミンクの個体識別法の確立

11:15 [7] ○大石琢也(北大・理)、浦口宏二(道立衛生研)、増田隆一(北大・創成研)
マイクロサテライト解析による道東キタキツネの集団遺伝学的研究

11:30 [8] ○田島沙羅(北大・院理・自然史)、金子弥生(ヤマザキ動物看護短大)、Alexei
Abramov(ロシア科学アカデミー動物学研究所)、増田隆一(北大・創成研)
ミトコンドリアDNAとSRY遺伝子を用いたアナグマの地理的多様性と系
統解析

11:45 [9] ○佐藤丈寛(北大・理)、天野哲也(北大・総合博)、小野裕子(北大・総合博)、
石田肇(琉球大・医)、小寺春人(鶴見大・歯)、松村博文(札幌大)、米田穰(東
大・新領域)、増田隆一(北大・創成研)
オホーツク文化出土人骨のミトコンドリアDNAハプログループの推定

座長 荻原克益(北大・生命科学)

12:00 [10] ○松原 伸(北大・院・生命科学)、木村 敦(北大・院理・生命理学)
マウスの卵巣と胎盤におけるプロリルオリゴペプチダーゼの発現とDNA
メチル化

12:15 [11] ○Vanessa Ribeiro and Atsushi Kimura
Expression and Epigenetic Regulation of the Murine *Scd2* Gene

12:30—13:30 昼休み、役員会(第4会議室)

13:30—14:00 総会(小講堂)

一般講演 午後の部(前半) 14:00—16:00

座長 増田隆一(北大・創成研)

14:00 [12] ○東典子(北大院・水)・國廣靖志(道立栽培水試)・三原栄次(道立稚内水試)・
柳本卓(遠洋水産研)・阿部周一(北大院・水)
ベニズワイガニと近縁種の分子集団遺伝学のおよび分子系統学的解析

- 14:15 [13] ○荒井克俊・森島輝・吉川廣幸(北大院水)・李雅娟(大連水産学院)
クローンドジョウの起源
- 14:30 [14] ○浅田祐介¹、西田千鶴子^{1,2}、竹花佑介³、酒泉満³、松田洋一^{1,2}(¹北大・生命科学、²北大・創成・動物染色体、³新潟大・理・自然環境)
メダカ属のヘテロクロマチンを構成する反復配列の解析
- 座長 吉田磨仁(北大・地球環境)
- 14:45 [15] ○川越大輝¹、西田千鶴子²、関梨紗子¹、小坂あゆみ²、松田洋一^{1,2} (¹北大・生命科学、²北大・創成・動物染色体)
ワニ類における動原体特異的反復配列の起源と進化に関する分子細胞遺伝学的解析
- 15:30 [16] ○関梨紗子¹、松原和純²、池田直樹³、千々岩崇仁³、鳥羽通久⁴、松田洋一^{1,2}(¹北大・生命科学、²北大・創成・動物染色体、³崇城大・応用生命科学、⁴日本蛇族学術研究所)
ヘビ類のゲノムを構築する反復配列の解析
- 15:45 [17] ○村田知慧(北大院・生命科学)、山田文雄(森林総研・関西)、河内紀浩(島嶼生物研)、三宅雄士、福地壮太、七里浩志、阿部慎太郎(環境省・那覇)、小高信彦(森林総研・関西)、松田洋一、黒岩麻里(北大・創成機構、北大院・生命科学)
トゲネズミ 3 種の分子系統解析と核型比較

16:00 休憩(15分)

16:15 (社)日本動物学会北海道支部優秀発表賞 表彰式

公開講演会(小講堂) 16:30—18:30

司会 吉田磨仁(北大・地球環境)

- 16:30 高畑雅一(北大・理)
動物学研究の現場：北大理学部生物科学科の紹介
- 16:45 黒岩麻里(北大・創成機構・動物染色体)
トゲネズミの保全活動と染色体研究
- 17:30 青沼仁志(北大・電子科学研究所)
鬮蟋から神経行動学へ

懇親会 (中央食堂) 18:30—21:00

講演要旨

公開講演「動物学への招待」

[1] 動物学研究の現場：北大理学部生物科学科の紹介

高畑雅一(北大・理)

生物学は、目には見えない分子や遺伝子の働きを明らかにしようという分子レベルの研究から、個体としての生き物がどのように周囲の環境に適応し、そして環境とどのような関わりを持ちながら生きているのかという集団レベルの研究まで、広い分野をカバーする学問です。そして何よりも、実に多種多様な生き物が研究の対象となっていることが生物学の大きな特徴であり、魅力です。北海道大学理学部生物科学科で研究されている生き物、特に動物達と、それらに負けず劣らず多様な研究者達を紹介します。

・北海道大学理学部生物科学科(生物学)ウェブサイト

<http://www.sci.hokudai.ac.jp/bio/>

ここでは、「生き物の名前」あるいは生物学関係の「キーワード」から、北大の生物科学科で行われている研究をデータベース検索することができます。気に入った生物の写真や、気になるキーワードをクリックしてみてください。

北海道大学 理学部 生物科学科(生物学) 北海道大学 理学部 大学院理学院 大学院生命科学院 大学院環境科学院
Division of Biology, Department of Biological Sciences,
School of Science, Hokkaido University

サイトマップ お問い合わせ

多様な
生き物に学ぶ
4年間

北大生物学の特徴 お知らせ 生き物で探す キーワードで探す いきものがたり 生物学者列伝 準備中

[2] トゲネズミの保全活動と染色体研究

黒岩麻里(北大・創成機構・動物染色体)

トゲネズミ3種は、南西諸島に生息する日本の固有種です。近年、開発による生息環境の破壊、移入種による捕食などが原因で生息数が激減しており、絶滅が危惧されています。さらに、1972年に国の天然記念物に指定されている、大変希少な動物です。また、トゲネズミは哺乳類としては大変めずらしい染色体をもっています。私たちヒトを含めて、哺乳類では性染色体がXX型だと女性(メス)に、



XY型だと男性(オス)になります。しかし、トゲネズミはY染色体をもたず、メスもオスもX染色体1本だけのXO型です。本講演では、南西諸島におけるトゲネズミの保全活動や、研究室での実験の様子などを紹介しながら、トゲネズミの魅力についてお話しします。

[3] 闘蟋から神経行動学へ

青沼仁志(北大・電子科学研究所)

コオロギは昔から日本人に親しまれ、源氏物語や古今集などにも登場し、鳴き声は、秋の夜長に相手を慕う気持ちをたとえられていたりした。一方、中国では1000年以上も前から「闘蟋(とうしつ)」と呼ばれ、雄のコオロギ同士を闘わせる遊びとして農民の間で始まり、後に宮中の遊びとして親しまれた。このコオロギの闘争行動は、オスが相手のコオロギの体表にある物質を触角で探り、オスと認識すると発現する行動である。闘争に勝ったオスは勝ち名乗りを挙げ、相手を追い回す。そして、2匹の間には優劣関係ができていく。私たちは、このようなコオロギの行動から、動物の適応行動の発現を司る神経系の仕組みを学ぶことができる。

一般講演

[1] リスク感受性選択:階層ベイズモデルに基づく行動解析

川森愛(北大・院生命科学)・○松島俊也(北大・理学)

Charnov(1976)は、利益率を最大化するために採餌者はどのように行動すべきか、を理論化することで、採餌生態の研究を大きく発展させた。しかし採餌状況を単純化したため、現実の行動との間にずれがある。リスクもその一つである。高い利潤率の餌が低い確率で得られる場合と、低い利潤率の餌が $p=1$ で得られる場合を考えよう。期待値が等しいからといって、動物は等しく選ぶとは限らない。本研究ではヒヨコのリスク感受性を実験的に解析した。その結果、量のリスクを回避するにもかかわらず、遅延時間のリスクを嗜好する、という逆説的な結果が得られた。なお、本研究の統計学的検討は久保拓弥先生(北大地環研)のご指導に基づく。

[2] 競争採餌は衝動性を亢進する

○網田英敏(北大・院生命科学)・松島俊也(北大・理学)

Charnov(1976)は最適メニューモデルを提案し、最適な採餌選択は餌の利潤率(エネルギー利得/処理時間)に基づくべきだと主張した。「近くて小さい餌」と「遠くて大きい餌」の利潤率が等価であるならば、2つの餌は同じ割合で選ばれるはずだ。しかし、現実の動物は量より近さを優先することがある。この行動は衝動的選択と呼ばれ、利潤率では説明できない。衝動性を決める要因は何だろうか。本研究ではヒヨコを競争的採餌のもとで学習させ、その後、二者択一をさせた。その結果、競争的採餌をしたヒヨコは「近くて小さい餌」をより多く選ぶことがわかった。

[3] 餌パッチ利用とセロトニン系

○松浪庄平(北大・院生命科学)・網田英敏(北大・院生命科学)・松島俊也(北大・理学)

Charnov(1976)は最適パッチ利用モデルを提唱した。「採餌者は時間当たりの採餌量(利益率)を最大化する。」という考えを、パッチ状の餌環境に適用したものである。このモデルによれば、最適なパッチ利用時間はただ一点に定まる。この理論を検証するために、ヒヨコを用いてパッチ利用時間を計測した。粟を一粒ずつ給餌し、その間隔を徐々に延長して、パッチ状の餌条件を再現した。パッチ利用時間の分散は平均値の二乗に比例する大きな値を示し、ポアソン過程で近似できることがわかった。また、セロトニン選択的再取り込み阻害剤(fluvoxamine)の全身投与によって、パッチ利用時間が延長した。

[4] 小鳥の囀り学習の種特異的拘束

○今井礼夢(北大・院生命科学)・和多和宏(北大・先端生命科学研究院)

鳴禽類の囀りは幼鳥期に他個体の囀りを聴き、それを鋳型として練習することで獲得される。また、囀りは種毎に異なる特徴をもつ。これらの点から、鳴禽類の囀りは、生得的な種特異的拘束と後天的な学習の両方により獲得されると推測される。本研究ではキンカチョウ幼鳥をジュウシマツ仮親に育てさせ、囀り発達の変化を調べた。その結果、ほとんどのキンカチョウはジュウシマツがもつ個々の音素を学習したが、時系列構造は学習しなかった。しかし囀り発達途中では、ジュウシマツ様の音素時系列構造を生成していた。以上より、キンカチョウは囀り学習の後期において、音素時系列構造を生成する際に種特異的拘束を受けていると考えられる。

[5] 聴覚剥奪した小鳥の囀り発達変化

○森千紘(北大・院生命科学)・和多和宏(北大・先端生命科学研究院)

鳴禽類は他個体の囀りを鋳型として記憶する。その後、自らの発声を聴覚フィードバックにより記憶した鋳型に近づけ、固定化する。この一連の囀り学習において聴覚入力には重要な働きをもつ。本研究では、学習臨界期前のキンカチョウ幼鳥の聴覚を剥奪し、囀りの鋳型の獲得と聴覚フィードバックを阻害した。その後、囀りの発達変化を音素の時系列構造に注目し解析した。その結果、聴覚入力がないにも関わらず、囀りの時系列構造は個体ごとに特徴的な規則性のあるリズムをもっていた。また、その囀りパターンは正常個体と比べて遅延するが、発達過程で固定化された。これらは、囀りパターン形成・固定化が聴覚からの入力のみによらないことを示唆する。

[6] 糞DNAを用いた釧路湿原に生息するアメリカミンクの個体識別法の確立

○嶋谷ゆかり(北大・院理・自然史)、竹下毅(北大・院文・地域システム)、立澤史郎(北大・院文・地域システム)、池田透(北大・院文・地域システム)、増田隆一(北大・創成研)

釧路湿原では、外来種であるアメリカミンクの管理が課題となっているが、その生息密度はまだ知られていない。そこで、昨年の本大会にて報告した方法を用いてアメリカミンクと判定した糞サンプルについて、個体識別する方法を開発した。6つのマイクロサテライト遺伝子座の遺伝子型を決定した結果、糞80個中28個において全遺伝子座の分析に成功し、これらを含む55個では4遺伝子座以上の分析に成功した。その結果、少なくとも24個体(雄7個体、雌11個体)に由来する糞であったことが明らかになった。今後、分析する遺伝子座数を増やし、兄弟など近縁な個体間の関係を識別することを目標とする。

[7] マイクロサテライト解析による道東キタキツネの集団遺伝学的研究

○大石琢也(北大・理)、浦口宏二(道立衛生研)、増田隆一(北大・創成研)

要旨内容:北海道におけるキタキツネ集団の歴史や地理的分布を明らかにするために、マイクロサテライト解析を行った。北海道東部の各地より採取されたキツネについて、マイクロサテライト11座位における対立遺伝子の遺伝子型を決定した。サンプリング地点によって分けた4集団のヘテロ接合度 H 、近交係数 F_{IS} 、ならびに分集団間の遺伝的分化度 F_{ST} を算出した。その結果、キタキツネ集団の遺伝的特徴として、高い分散能力による遺伝子流動があること、あるいは、多様性を保った祖先集団が道東地域に分布を拡大し、分集団間の遺伝的分化がまだ十分に進んでいないことが示唆された。

[8] ミトコンドリアDNAとSRY遺伝子を用いたアナグマの地理的多様性と系統解析

○田島沙羅(北大・院理・自然史)、金子弥生(ヤマザキ動物看護短大)、Alexei Abramov(ロシア科学アカデミー動物学研究所)、増田隆一(北大・創成研)

要旨内容:旧北区に広く分布するアナグマ *Meles spp.* のユーラシア大陸産と日本産の間には顕著な形態変異が見られ、大陸内の地域集団間においても多様性が報告されている。本研究では、アナグマ属の多様性と動物地理的歴史を明らかにするため、大陸産と日本産において母系遺伝するミトコンドリアDNAのD-loop領域および父系遺伝するSRY遺伝子の分子系統解析を行った。その結果、母系・父系遺伝子で同様に、日本集団、ボルガ河以東の東ユーラシア集団、それ以西の西ユーラシア集団およびコーカサス集団の計4系統に分けられた。また、日本集団においては、個体間の遺伝的距離は必ずしもサンプリング地点間の地理的距離を反映していなかった。

[9] オホーツク文化出土人骨のミトコンドリアDNAハプログループの推定

○佐藤丈寛(北大・理)、天野哲也(北大・総合博)、小野裕子(北大・総合博)、石田肇(琉球大・医)、小寺春人(鶴見大・歯)、松村博文(札医大)、米田穰(東大・新領域)、増田隆一(北大・創成研)

古代人骨のミトコンドリアDNA (mtDNA)分析では、慣例的にhypervariable region (HVR)の塩基配列が用いられてきた。しかし、HVRの変異サイトでは死後にDNAが変性し配列が変化しやすいため、この領域だけでは信頼性の高い系統推定を行うことができない。昨年の本大会でHVR1の配列から推定したオホーツク人の遺伝的特徴について報告したが、その後、より信頼性の高い系統推定を行うために死後でも変性しにくいコーディング領域の多型サイトを分析し、mtDNAハプログループを同定した。オホーツク人にみられるハプログループの種類と頻度に基づいて、彼らの遺伝的特徴について再検討した。

[10] マウスの卵巣と胎盤におけるプロリルオリゴペプチダーゼの発現とDNAメチル化

○松原 伸(北大・院・生命科学)、木村 敦(北大・院理・生命理学)

プロリルオリゴペプチダーゼ(POP)はペプチド鎖のプロリン残基を認識して切断するエンドペプチダーゼであり、細菌や原生生物、植物、哺乳類など多様な生物にわたって存在している。本研究ではマウスにおいて特に高いmRNA発現を示した卵巣と胎盤におけるPOPの発現とその発現調節について調べた。まず、これらの組織におけるPOPの局在を調べたところ、卵巣では顆粒膜細胞特異的に、胎盤では海綿状栄養膜で強く発現していることがわかった。また、POPの発現が低い肝臓にくらべて胎盤では遺伝子本体のメチル化レベルが低いことがわかり、DNAメチル化がPOPの発現レベルを調節している可能性が考えられた。

[11] Expression and Epigenetic Regulation of the Murine *Scd2* Gene

○Vanessa Ribeiro and Atsushi Kimura (Division of Biological Sciences, Graduate School of Life Science, Faculty of Science, Hokkaido University)

The overall purpose of our research is to identify, characterize, and understand the role of gene regulatory sequences in mammals. We focused our studies on the murine *Stearoyl-CoA Desaturase 2 (Scd2)* gene; SCD2 is one of the 4 SCD isoforms necessary for the biosynthesis of unsaturated fatty acids. In the rat ovary, the *Scd2* gene has been reported to be expressed only in granulosa cells (GCs). We verified that the *Scd2* gene expression in the murine ovary is also specific to granulosa cells. To further understand the mechanism of the *Scd2* gene expression in murine GCs, we investigated its chromatin structure in these cells. Three possible regulatory sites were identified upstream the gene promoter and in one of them CG-rich sequences were detected. To assess the epigenetic regulation of the *Scd2* gene, we studied the methylation pattern of these CG-rich sequences.

[12] ベニズワイガニと近縁種の分子集団遺伝学および分子系統学的解析

○東典子(北大院・水)・國廣靖志(道立栽培水試)・三原栄次(道立稚内水試)・柳本卓(遠洋水産研)・阿部周一(北大院・水)

日本周辺のベニズワイガニ9集団421個体、その亜種カイザンベニズワイガニ48個体、ズワイガニ74個体、オオズワイガニ2個体の標本について、5座のマイクロサテライトDNA領域とミトコンドリアCOI 遺伝子3' 領域を分子遺伝マーカーとし、分子系統学および集団遺伝学的解析を行った。両マーカーとも種間・亜種間の明瞭な分岐を示し、現行の分類体系を支持した。また、カイザンベニズワイに比べてベニズワイガニ種内の遺伝的多様性が低いことと、ベニズワイ集団間の遺伝的分化がほとんどないことを示した。これらは、氷河期に日本海に隔離された可能性があるベニズワイガニの進化的歴史を反映していると考えられる。

[13] クロンドジョウの起源

○荒井克俊・森島輝・吉川廣幸(北大院水)・李雅娟(大連水産学院)

ドジョウの多くは両性生殖により繁殖する二倍体である。しかし、道北のクロン二倍体ドジョウは、「減数分裂前核内分裂」により非還元的に二倍体卵をつくり、これらが「雌性発生」により繁殖することでクロン系統となる。そして、偶然に精子核を割球に取り込んだ場合は三倍体等になる。三倍体雌は「雑種発生」の様式により、対合できなかったクロン由来の1ゲノムを削減し、相同な2ゲノム(一方はクロン由来)の対合に由来する半数体卵を形成することから、クロンの異質性が示唆された。mtDNA調節領域の解析も、ドジョウ集団に種レベルの分化を示す2グループがあることを示した。以上は、クロンの雑種起源の可能性を示唆する。

[14] メダカ属のヘテロクロマチンを構成する反復配列の解析

○浅田祐介¹、西田千鶴子^{1,2}、竹花佑介³、酒泉満³、松田洋一^{1,2}(¹北大・生命科学、²北大・創成・動物染色体、³新潟大・理・自然環境)

メダカは日本発の有用な実験動物であり、これまでに蓄積されてきた遺伝情報やリソースに加え、近年解読された全ゲノム配列情報を研究に利用することが可能となった。しかし、セントロメアやテロメア領域などに存在するヘテロクロマチンの塩基配列情報は不明であり、メダカ属の染色体構造や核型進化の理解を深めるには、ヘテロクロマチンを構成する反復配列の情報が不可欠である。そこで我々は、メダカ属の3種(*Oryzias latipes*, *O. hubbsi*, *O. celebensis*)を対象として、部位特異的反復配列をクローニングし、塩基配列、染色体上の分布、ゲノム中での存在様式、属内での保存性について解析したので報告する。

[15] ワニ類における動原体特異的反復配列の起源と進化に関する分子細胞遺伝学的解析

○川越大輝¹、西田千鶴子²、関梨紗子¹、小坂あゆみ²、松田洋一^{1,2}(¹北大・生命科学、²北大・創成・動物染色体)

一般に、爬虫類と鳥類の核型はマクロ染色体とマイクロ染色体から構成され、鳥類では染色体サイズ依存的なゲノムの区画化に伴いマイクロ染色体特異的な反復配列が存在する。一方、ワニ類はマイクロ染色体を消失した特異的な核型を持つ。そこで我々は、シャムワニを対象として、動原体を構築する反復配列のクローニングとそのFISH解析を試みた。その結果、2番染色体を除く全ての染色体の動原体に存在する反復配列が2種類、2番染色体と一部の小型染色体の動原体に存在する反復配列が1種類得られた。この結果から、シャムワニの動原体は起源が異なる複数の反復配列から構成され、ゲノムの区画化が消失している可能性が示唆された。

[16] ヘビ類のゲノムを構築する反復配列の解析

○関梨紗子¹、松原和純²、池田直樹³、千々岩崇仁³、鳥羽通久⁴、松田洋一^{1,2}(¹北大・生命科学、²北大・創成・動物染色体、³崇城大・応用生命科学、⁴日本蛇族学術研究所)

ヘビ類の核型は、サイズが大きく異なるマクロ染色体とマイクロ染色体で構成され、種間の保存性が非常に高い。本研究は、ヘビ類のゲノム中に存在する反復配列を網羅的に単離し、その塩基配列、染色体上の分布、種間での保存性や起源などを解析することによって、ヘビ類の染色体の構造の特徴およびその進化過程を明らかにすることを目的とした。我々は、ナミヘビ科のシマヘビから、動原体、テロメア、性染色体などのヘテロクロマチン領域で特異的に増幅している複数の反復配列を単離した。その内4つの配列が、異なるLINE配列に属することから、ヘビ類には部位特異的にレトロトランスポゾン様配列が増幅する機構が存在する可能性が示唆された。

[17] トゲネズミ 3 種の分子系統解析と核型比較

○村田知慧(北大院・生命科学院)、山田文雄(森林総研・関西)、河内紀浩(島嶼生物研)、三宅雄士、福地壮太、七里浩志、阿部慎太郎(環境省・那覇)、小高信彦(森林総研・関西)、松田洋一、黒岩麻里(北大・創成機構、北大院・生命科学院)

トゲネズミ 3 種は、南西諸島に生息する日本固有種である。トクノシマトゲネズミとアマミトゲネズミは、Y染色体をもたず、雌雄ともにX染色体 1 本のXO/XO型という特異的な性染色体構成をもつ。一方、オキナワトゲネズミは一般的な哺乳類と同様にXX/XY型である。分子系統解析および核型比較により、3 種の進化過程を明らかにすることは、Y染色体消失という、哺乳類ではめずらしい現象を探る上で、重要な知見をもたらすと期待される。そこで本研究では、ミトコンドリアおよび核DNAを用いて3 種の分子系統解析を行なった。またG- およびC- 分染法により、オキナワトゲネズミの核型の特徴を明らかにし、本種の雌雄間ならびに3 種間の核型比較を行なった。

参加者名簿

| 氏名 | ふりがな | 所属 | 講演番号 | 懇親会 |
|--------------------------|------------|-------------------------------|------|-----|
| 青沼仁志 | あおぬま ひとし | 北海道大学電子科学研究所神経情報研究分野 | 特別講演 | ○ |
| 浅田祐介 | あさだ ゆうすけ | 北海道大学大学院生命科学院生命システム科学コース | 14 | |
| 東典子 | あずまのりこ | 北海道大学大学院育種生物学講座 | 12 | ○ |
| 荒井克俊 | あらい かつとし | 北海道大学大学院水産科学研究院 | 13 | ○ |
| 井上友 | いのうえ とも | 北海道大学理学部生物科学科 | | |
| 大石琢也 | おおいし たくや | 北海道大学大学院理学院自然史科学専攻 | 7 | ○ |
| 川越大輝 | かわごし たいき | 北海道大学大学院生命科学院 | 15 | |
| 木村敦 | きむら あつし | 北海道大学大学院理学研究院生命理学部門生殖発生生物学講座2 | | ○ |
| 黒岩麻里 | くろいわ あさと | 北海道大学創成科学共同研究機構動物染色体研究室 | 特別講演 | ○ |
| 佐藤丈寛 | さとう たけひろ | 北海道大学大学院理学院自然史科学専攻多様性生物学講座 | 9 | ○ |
| 嶋谷ゆかり | しまたに ゆかり | 北海道大学大学院理学院自然史科学専攻 | 6 | |
| 関梨紗子 | せき りさこ | 北海道大学大学院生命科学院生命システム科学コース | 16 | |
| 高橋孝行 | たかはし たかゆき | 北海道大学大学院先端生命科学研究院 | | ○ |
| 田島沙羅 | たしま さら | 北海道大学大学院理学院 | 8 | ○ |
| 高畑雅一 | たかはた まさかず | 北海道大学大学院理学院 | 特別講演 | |
| 増田隆一 | ますだ りゅういち | 北海道大学創成科学共同研究機構 | | ○ |
| 松原伸 | まつばら しん | 北海道大学大学院生命科学院生命システム科学コース | 11 | |
| 村田知慧 | むらた ちえ | 北海道大学大学院生命科学院生命科学専攻動物染色体研究室17 | | |
| 網田英敏 | あみた ひでとし | 北海道大学大学院生命科学院 | 2 | |
| 今井礼夢 | いまい らいむ | 北海道大学大学院生命科学院 | 4 | |
| 荻原克益 | おぎわら かつえき | 北海道大学大学院理学研究院生命理学部門生命機能科学分野 | | |
| 松島俊也 | まつしま としや | 北海道大学大学院理学研究院 | 1 | ○ |
| 松浪庄平 | まつなみ しょうへい | 北海道大学大学院生命科学院 | 3 | |
| 森千紘 | もり ちひろ | 北海道大学大学院生命科学院 | 5 | |
| 山下正兼 | やました まさかね | 北海道大学大学院先端生命科学研究院 | | ○ |
| 吉田磨仁 | よしだ きよひと | 北海道大学大学院地球環境科学研究院 | | ○ |
| Vanessa Ribeiro Caldeira | | 北海道大学大学院理学研究院生命理学部門生殖発生生物学講座2 | 10 | |

(社)日本動物学会北海道支部第54回大会
 実行委員長 山下正兼
 準備事務局 吉田磨仁