

な高い表現型可塑性の進化機構を明らかにするため、防御形態への関与が知られている遺伝子群の進化的解析を行った。形態変化誘導実験から得られた曝す前・膨満型・高尾型・捕食者無しの4処理個体から454次世代シーケンサーでエゾアカガエル幼生のEST配列を決定した。その後、EST配列をXenopusのcDNAと比較し、Mori et al. (2009)で示された膨満化に関わる可能性のある遺伝子が、エゾアカガエルで特有な重複をしていないか調べた。結果、可塑性に関わる遺伝子群の中に、エゾアカガエル特有の重複をしている遺伝子が見つかった。今後はEST配列に基づいたマイクロアレイを用いて誘導防御形態に伴う遺伝子発現パターン変化を網羅的に探る。

研究分野：進化生態学

keywords：表現型可塑性, アカガエル, EST ライブラリー

P006 Selective Constraints on Amino Acids Estimated by a Mechanistic Codon Substitution Model with Multiple Nucleotide Changes

宮澤 三造

群馬大学大学院工学研究科

Empirical substitution matrices represent the average tendencies of substitutions over various protein families by sacrificing gene-level resolution. We develop a codon-based model, in which mutational tendencies of codon, a genetic code, and the strength of selective constraints against amino acid replacements can be tailored to a given gene. First, average selective constraints are estimated by maximizing the likelihood of each 1-PAM matrix of empirical amino acid (JTT, WAG, and LG) and codon (KHG) substitution matrices. Then, selective constraints specific to a protein family are approximated as a linear function of a given estimate of the average selective constraints. AIC values indicate that allowing multiple nucleotide changes leads the model to a better fit. Also, the ML estimates of transition-transversion bias from these empirical matrices are not so large as previously estimated. The present model provides a good fit to substitution data even for chloroplast and mitochondrial proteins. Reference: doi:10.1371/PLoS One, 6, e17244, 2011.

研究分野：分子進化、タンパク質の構造生物情報学

keywords：codon substitution matrix, amino acid substitution matrix, maximum likelihood estimation

P007 ホッカイエビ個体群における遺伝子発現の網羅的比較

○川原 玲香¹、和田 健太²、東 典子²、千葉 晋²

¹東京農大・生物資源ゲノム解析センター、²東京農大・生物産業

寒海で最も漁獲されている甲殻類であるタラバエビ類 (Pandalidae) は、雄性先熟の性転換を行う。漁業活動においては大型のメスのみが漁獲対象となるため、性比の歪みが生じ、有効集団サイズの減少、ひいては持続的漁業の障害となることが懸念される。このタラバエビ科に属するホッカイエビ (*Pandalus latirostris*) において、生息環境がほぼ等しいものの、遺伝的交流の乏しい2つの個体群が存在する。漁獲圧の異なるこれらの個体群は遺伝的に分化しており、産卵数や卵サイズに差異が認められた。そこで、次世代シーケンサーを用いて遺伝子発現の網羅的な比較を行い、発現量に違いのある遺伝子を探索することで、差異のある形質に関わる遺伝子の同定を試みた。成熟メス卵巣由来のRNAを個体群ごとに5個体分プールしてcDNAライブラリを作成し、ゲノムアナライザによる網羅的な配列の決定を行い、60億塩基以上の配列情報を得た。ホッカイエビではゲノム配列が明らかになっていないため、*de novo* assemblyを行い、得られたコンティグを転写単位として、アセンブリに基づく方法とマッピングに基づく方法によって発現量の比較を行った。その結果、29の遺伝子において、い