

第28回大会 名古屋大会

日本進化学会

会場

名古屋大学
東山キャンパス

学会メインテーマ

進化から学ぶ生命科学

～ 分子・ゲノムから集団・生態系まで

2026年

8月19～22日

水 木 金 土

プログラム・発表演題一覧

大会長挨拶

第 28 回日本進化学会年次大会を、2026 年 8 月 19 日より 4 日間、名古屋大学にて開催いたします。本大会は、「進化から学ぶ生命科学 ～ 分子・ゲノムから集団・生態系まで」をテーマに掲げ、進化生物学の多層的な広がり、その学際的な可能性を改めて見つめ直す場として企画いたしました。

進化学は、生物の多様性を理解するための基盤であると同時に、分子レベルのメカニズムから個体・集団・生態系に至るまで、生命科学のあらゆる階層を貫く統合原理でもあります。本大会では、招待講演やシンポジウム、一般講演・ポスター発表に加え、高校生によるポスター発表や市民公開講座、夏の学校など、多様な企画を通じて、専門分野や世代を超えた活発な議論と交流の場を創出します。研究者のみならず、学生、教育関係者、そして一般の皆様にとっても、進化学の魅力と最前線に触れる貴重な機会となることを期待しております。会場内には託児所が設けられ、お子様連れの方も安心して参加いただけます。

開催地である名古屋市は、日本のほぼ中央に位置する交通至便な都市であり、学術・産業の集積地としても知られています。この地での進化学会大会開催は初の試みであり、新たな分野横断的連携や共同研究の芽を育む絶好の機会となるでしょう。実行委員一同、多数の皆様のご参加を心よりお待ち申し上げます。

日本進化学会第 28 回大会 大会長
名古屋大学 教授 隅山 健太

1日目 8月19日	2日目 8月20日	3日目 8月21日	4日目 8月22日
A会場 B会場 C会場 D会場	A会場 B会場 C会場 D会場	A会場 B会場 C会場 D会場	E会場
8:00 8:15 8:30 8:45 9:00 9:15 9:30 9:45 10:00 10:15 10:30 10:45 11:00 11:15 11:30 11:45 12:00 12:15 12:30 12:45 13:00 13:15 13:30 13:45 14:00 14:15 14:30 14:45 15:00 15:15 15:30 15:45 16:00 16:15 16:30 16:45 17:00 17:15 17:30 17:45 18:00 18:15 18:30 18:45 19:00 19:15 19:30 19:45 20:00 20:15 20:30	8:00 8:15 8:30 8:45 9:00 9:15 9:30 9:45 10:00 10:15 10:30 10:45 11:00 11:15 11:30 11:45 12:00 12:15 12:30 12:45 13:00 13:15 13:30 13:45 14:00 14:15 14:30 14:45 15:00 15:15 15:30 15:45 16:00 16:15 16:30 16:45 17:00 17:15 17:30 17:45 18:00 18:15 18:30 18:45 19:00 19:15 19:30 19:45 20:00 20:15 20:30	8:00 8:15 8:30 8:45 9:00 9:15 9:30 9:45 10:00 10:15 10:30 10:45 11:00 11:15 11:30 11:45 12:00 12:15 12:30 12:45 13:00 13:15 13:30 13:45 14:00 14:15 14:30 14:45 15:00 15:15 15:30 15:45 16:00 16:15 16:30 16:45 17:00 17:15 17:30 17:45 18:00 18:15 18:30 18:45 19:00 19:15 19:30 19:45 20:00 20:15 20:30	8:00 8:15 8:30 8:45 9:00 9:15 9:30 9:45 10:00 10:15 10:30 10:45 11:00 11:15 11:30 11:45 12:00 12:15 12:30 12:45 13:00 13:15 13:30 13:45 14:00 14:15 14:30 14:45 15:00 15:15 15:30 15:45 16:00 16:15 16:30 16:45 17:00 17:15 17:30 17:45 18:00 18:15 18:30 18:45 19:00 19:15 19:30 19:45 20:00 20:15 20:30
	受付開始	受付開始	受付開始
	シンポジウム S5	シンポジウム S13	夏の学校
	シンポジウム S6	シンポジウム S11	「非モデル生物の進化研究のためのゲノム解析入門 ~ゲノムプロジェクトの設計からアセンブリ・アノテーションまで~」
	シンポジウム S7	シンポジウム S12	
	一般口頭発表 1 O_A20, O_B20, O_C20, O_D20	ジュニア進化学ポスター	
受付開始			受付開始
シンポジウム S1	一般口頭発表 2 O_A20, O_B20, O_C20, O_D20	一般口頭発表 3 O_A21, O_B21, O_C21, O_D21	市民公開講座
シンポジウム S2			「動物の装飾や武器はどのように進化してきたか」
シンポジウム S3	シンポジウム S9	一般口頭発表 4 O_A21, O_B21, O_C21, O_D21	
シンポジウム S4	シンポジウム S10	みんなの進化学表彰式 学会賞表彰式、総会 学会賞受賞講演 (キタンホール)	
プレナリー講演 1 (キタンホール)	シンポジウム S8		
ポスター発表：奇数 (ポスター発表会場)	プレナリー講演 2 (キタンホール)		
ポスター発表：偶数 (ポスター発表会場)	懇親会 生協 南部食堂 1 階 Mei-dining		

日本進化学会第28回大会プログラム

2026年8月19日(水)～22日(土) 名古屋大学

8月19日 A会場	B会場	C会場	D会場
S1 光グローカル：進化が創り出した光利用の実像の理解	S2 トランスポゾンによる遺伝情報拡散とパンゲノム進化	S3 多様性の至近・究極要因を繋ぐ「ゆらぎ」	S4 新規環境への進出にともなう生物の適応戦略を探る
13:00 S1-0 趣旨説明 小柳光正 大阪公大・院理	13:00 S2-1 トランスポゾン水平伝播の謎 大島一彦 長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部	13:00 S3-0 背景・講演者紹介	13:00 S4-1 生物はどのようにして新規環境への進出を可能にしたのか ○平松楓佳1 1東大・新領域
13:05 S1-1 霊長類を対象とした光グローカル研究 今井啓雄 京都大・ヒト行動進化研究所	13:10 S2-2 Troyka：水棲動物のみに分布する新規LTRレトロトランス ポゾンスーパーファミリー Kenji K. Kojima1,2 1 Genetic Information Research Institute, 2 University of Arizona	13:10 S3-1 発生のゆらぎが形づくる生態と進化のダイナミクス 高橋佑磨1 1千葉大・院理	13:10 S4-2 真骨魚類の極域進出に伴う遺伝的収斂の探索 ○西口智也1, 福島健児1, 石川麻乃2 1遺伝研, 2東大・院新領域
13:25 S1-2 メダカ脳下垂体の光受容現象からみえた新しい光ローカルな 内分泌メカニズム 福田彩華1, 佐藤恵太2, 神田真司3 1自然科学研究機構・基生研, 2岡山大・学術研究院医歯薬学 域、3東京大・大気海洋研	13:32 S2-3 ゲノム解析から実験へ：レトロトランスポゾン転移の再現 系構築 ○北尾晃一1, 天野翔太1, 大島一彦2, 三好知一郎1 1理研・IMS, 2長浜バイオ大・バイオサイエンス	13:30 S3-2 遺伝的・非遺伝的な発現量変化の方向を揃える遺伝子調節ネッ トワーク ○津留三良 東大・院理	13:30 S4-3 地下性甲虫にみられる遺伝子の平行的な消失 ○丹伊田拓磨1, 芦田久2, 越川滋行3 1国立遺伝学研究所, 2近畿大学生物理工学部, 3北大院地球環境, 北大院環 境科学
13:50 S1-3 微生物型ロドプシンが拡張する生命の光利用システム ○吉澤晋 東大・大海研	13:54 S2-4 ウイルスから宿主への遺伝子水平伝播が駆動する真核生物 ゲノムの進化 緒方博之, ○Hongda Zhao, Lingjie Meng, Ruixuan Zhang 京大・化研	13:50 S3-3 集団行動を変える「少数派」のしくみ ○横井佐織 北大・院薬	13:50 S4-4 イカリソウ属の進化史から探るシオミイカリソウの耐塩性の獲得 ○Puspadewi Adiseputra1, 草竹恵実1、友國秀斗1、高山浩司2、三村真 紀子1 1岡大・院環境生命自然, 2東立大・院理
14:15 S1-4 珍無腸動物・扁形動物の光共生と生体制御から探るグローバ ル光バイオロジー ○濱田麻友子 岡山大・臨海	14:16 S2-5 ウイルス間の遺伝子水平伝播が駆動する巨大ウイルスの進 化 疋田弘之1 1IHHS・感染研	14:10 S3-4 発生のゆらぎから読み解く形態の進化可能性と制約 ○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	14:10 S4-5 都市に進出した捕食者の適応戦略：ヒバカリの事例 ○高麗泰矢1, 児島庸介2 1東邦大・院理, 2東邦大・理生
14:40 S1-5 動物の光受容システムの起源：光グローカル研究の広がり 小柳光正 大阪公大・院理	14:38 S2-6 Extracellular Vesicles (EVs)を介した遺伝子水平伝搬 小野竜一1 1国立衛研・毒性部	14:30 S3-5 適応進化における表現型ゆらぎの役割 ○石郷岡 潤, Luisa F. Pallares Friedrich Miescher Laboratory of the Max Planck Society	14:30 S4-6 進出初期と収斂進化から探る、アメンボ類の海洋進出 ○朝鍋遥1, 佐藤光彦2, Po-Wei Hsu3, 土畑重人1 1東大院・総合文化, 2かずさDNA研究所, 3Texas A&M Univ., Dept. Entomol.
		14:50 全体討論	

8月19日 キタンホール

プレナリー講演 1

15:15~	海洋生物から探る単細胞性・多細胞性の進化
16:45	五島 剛太 博士（名古屋大学菅島臨海実験所）
休憩	

ポスター発表

17:00~ 18:00	コアタイム：奇数番号
18:00~ 19:00	コアタイム：偶数番号

8月20日 A会場	B会場	C会場	D会場
S5：複雑な甲殻類ゲノムの新展開：進化・生態・水産をつなぐ	S6: How microevolutionary mechanisms produce macroevolutionary patterns	S7：植物を舞台に進化をみる	
9:00 S5-1 甲殻類ゲノムの多様性と複雑性：進化ゲノミクスへの課題と可能性 ○佐藤大気 筑波大・生命環境	9:00 S6-1 トゲウオにおける生態適応と遺伝子流動がもたらすマクロ進化パターン 北野潤 遺伝研・生態遺伝	9:00 趣旨説明	
9:31 S5-2 節足動物における陸上適応の分子基盤の探索 ○乾直人1, 西口智也1, 豊田 敦1, 福島健児1 1遺伝研	9:20 S6-2 Phenotypic complexity makes the molecular basis of evolutionary convergence predictable *Daohan Jiang1, Matt Pennell2, Lauren Sallan1 1Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, 2Cornell University	9:04 S7-1 卵細胞外構造から考える被子植物の重複受精制御の進化 ○須崎大地1,2, 御調日向子2, 永原史織3, 後藤友美4, 若崎真由美4, 大井 崇生5, 武内 秀憲6, 佐藤蘭子4, 豊岡公德4, 柿崎博美7, 杉直也2,8, 吉村有2, 殿崎薫2, 木下 哲2, 丸山 大輔2 1静大・院総科技, 2横浜市大・木原生研, 3京大・院理, 4理研・CSRS, 5高知工大・理工, 6東大・院総文, 7龍谷大・発酵研, 8筑波大・生命環境	
9:57 S5-3 比較ゲノミクスで「砂金」をふるい出す ○川戸智1 1海洋大	9:40 S6-3 動物ボディプランの進化可能性とその理解に向けた課題 入江直樹 総研大・進化セ	9:32 S7-2 コケ植物ヒメツリガネゴケにおける母体栄養による孢子体発生の分子機構 養老 瑛美子1,2, 礪田 玲華3, 川出 健介4, 中村 匡良3,4, 榎原 恵子1 1立教大・理, 2阪大・院理, 3名大・WPI-ITbM, 4埼玉大・院理工	
10:23 S5-4 寄生性甲殻類フクロムシによる宿主甲殻類の性形質操作因子の探索 豊田賢治 広島大・統合生命, 神奈川大・総理研, 東京理科大・先進理工	10:10 S6-4 種群の適応進化の流体近似：生物地理学、古生物学、および形態/分子系統学を連結するための理論的基盤 ○Hiroshi C. Ito1, Akira Sasaki1,2 1SOKENDAI・RCIES, 2IIASA・EEP	10:00 S7-3 イネの冠水適応を支える多腕細胞の形態と進化 永井啓祐1 1名大・生物セ	
10:49 総合討論	10:35 S6-5 When microevolutionary mechanisms become macroevolutionary patterns: ecology, development, and disruption Lauren Sallan Okinawa Institute of Science and Technology	10:28 S7-4 植物—寄生植物—昆虫—共生細菌の“超入れ子型共生系”から紐解く虫こぶ形成機構 土`田 努 富山大学・学術研究部理学系	
		10:56 総合討論	

8月20日	A会場	B会場	C会場	D会場
分野	座長：牧野能士	座長：小柳光正	座長：小田広樹	座長：田辺秀之
11:15	An Origin of Japanese Chestnut *Chih-Cheng Chien, Naito Ken National Agriculture and Food Research Organization	適応的な遺伝子浸透によるイヌのデンプン消化能力の起源 ○岡田莉奈1、五條堀淳2、寺井洋平2 1: 総研大・統合進化、2: 総研大・進化センター	マイマイガと近縁種エゾマイマイの戻し交配による雑種雄致死の分子基盤 ○石田響子1, Hannah Okada Akhlaghi1,2, 井上真紀3, 奥出絃太1, 鈴木雅京1 1東大・院新領域, 2University of British Columbia, 3農工大・院農	ホソバオケラのB染色体が持つ特異的反復配列と遺伝子候補配列の探索 ○原一矢1, 富田武志2, 山路弘樹2, 白澤健太3, 菊池真司1 1千葉大・院園芸, 2(株)ツムラ, 3かずさDNA研
11:30	全ゲノム解析による日本産サクラの進化史の解明—種分化・遺伝子浸透・栽培化— ○藤原一道1, 豊田敦2, 勝木俊雄3, 佐藤豊4, サクラ100ゲノムコンソーシアム, 小出剛1 1 遺伝研・マウス開発, 2 遺伝研・比較ゲノム解析, 3 森林総研・九州支所, 4 遺伝研・植物遺伝	サケ科のゲノム重複に起因した浸透圧・温度受容体候補遺伝子TRPV4の機能分化 ○小西吟知1、齋藤くれあ2、齋藤茂1、2 1 長浜バイオ大・院・バイオサイエンス, 2 長浜バイオ大・アニマルバイオ	好蟻性ハネカクシ <i>Homoeusa</i> 属2種における寄主転換に関連した種分化史とゲノムサイズ変異 ○野崎翼1, 長太伸章2, 丸山宗利3 1九大・比文, 2国科博, 3九大博	オオバタネツケバナの潮汐適応を支えるサブゲノムの周期的使い分け ○横溝 匠1, 湯本 原樹1, 2, 吉岡 俊輔3, 清水(稲継)理恵3, 清水 健太郎3, 4, 工藤 洋1 1京大・生態研セ, 2信大・山岳研, 3チューリッヒ大・理, 4横浜市大・木原研
11:45	東海地域に生息する陸産貝類のDNAバーコーディング ○横井敦史1, 川瀬基弘2, 西尾和久3, 熊澤慶伯1 1名市大・院理, 2愛み大, 3IFF東海	東アフリカシクリッドにおける唇肥大化の平行進化は粘膜免疫の変化によって獲得された ○畑島諒1, 二階堂雅人1 1 東京科学大・生命理工	訪花性ショウジョウバエにおける視覚情報依存的な蜜源探索戦略 山崎遥1○、林優人2、桂宗広2、石川由希1 1筑波大・生命環境系, 2名古屋大・院生命理	軟骨魚類グロビンの多様性：ヘモグロビン遺伝子の多重化と発現シフトの進化 ○八尾晃史1, 川口也和子1, 工樂樹洋1 1 遺伝研・分子生命史
12:00	交雑で形成される生殖隔離：陸産貝類ミスジマイ種群の事例 石井康人1・千葉聡2・北野潤3・伊藤舜4 1 総合研究大学院大学 先端学術院, 2 東北大学 東北アジア研究センター, 3 国立遺伝学研究所, 4 静岡大学 学術院理学領域	独立に水生適応した鰭脚類とカワウソウ科の化学感覚受容体遺伝子レパトリーの収斂進化 ○江川露山1、新村芳人1,2 1宮崎大・医学獣医学総合研究科, 2宮崎大・農学部獣医学科	アゲハチョウ属の幼虫における世代間・世代内の可塑性の進化 ○仁平岳登1, 鈴木紀之1 1三重大・生物資源	異質四倍体性魚類ヤマトシマドジョウ種群の各染色体種族における二倍性半数体の胚の発生能力 ○岡 隼斗1、北川忠生2、藤本貴史1 1北大院水、2近大院農
12:15	千島海溝・日本海溝に生息する超深海性クサウオ科魚類の系統分化と遺伝的多様性 ○亀井遥香1, 小島茂明1 1東大・大海研	Identification of “anomalous” trichromats in neolithic humans supporting ancient prevalence of human color vision diversity ○Yizhen Wang1, Yuka Matsushita1, Kae Koganebuchi2, Yusuke Watanabe2, Yoshiki Wakiyama2, Hiroki Oota2, Amanda D. Melin3, Shoji Kawamura1 1Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, 2Department of Bioscience, Graduate School of Science, The University of Tokyo, 3Department of Anthropology and Archaeology, University of Calgary, Canada	繁殖分業を行う二生吸虫の比較ゲノム解析 ○岡村海翔1, 三浦健太郎2, 豊田敦3, 三浦収4, 櫻井哲也4 1高知大・院総合人間自然, 2北海道大・院水産, 3遺伝研, 4高知大・農林海洋	Rapid chromosomal rearrangements and sex chromosome turnover underlie the evolution of parapatric Pacific Scomber mackerels *Ahammad Kabir1, Ryosuke Yazawa2, Dana Marielba Silva3, Jorge M.O. Fernandes3, Masaomi Hamasaki4, Sota Yoshikawa4, Hiroaki Suetake5, Kiyoshi Kikuchi1, Sho Hosoya1 1 Univ. of Tokyo, 2 TUMST, 3 Institut de Ciències del Mar, 4 Nagasaki Pref. Institute of Fisheries, 5 Fukui Pref. Univ.

8月20日	A会場	B会場	C会場	D会場
13:15	座長：古澤力 ブリ (<i>Seriola quinqueradiata</i>) の集団ゲノミクス：自然選択の検出 ○西山久美子1, 内野翼1, 宅野将平1, 山本一毅1, 中村洋路2, 安池元重2, 中本正俊3, 川戸智4, 坂本崇4, 菅谷琢磨1 1水産機構技術研, 2水産機構資源研, 3Umios Fish Lab株式会社, 4東京海洋大学・学術研究院	座長：河村正二 集団ゲノム解析に基づく日本鶏の起源と伝播史の解明 ○藤原篤弥1, 田中啓介2, 加藤正暉3, 中村隼明1, 高田勝4, 遠藤秀紀5, 山本義雄1, 西堀正英1, 呉住斎1, 米澤隆弘1 1広大・院統合生命, 2東京情報大・院総合情報, 3東京農工大・院農, 4農業生産法人有限会社 今帰仁アグー, 5 東京大学総合研究博物館	座長：水内良 中立および弱選択条件下における突然変異の固定待ち時間分布 ○入江祐真1, 山口諒2 1 北海道大学理学部物理学科, 2 北海道大学大学院先端生命科学研究院	座長：東山大毅 種分化を促すツバメ類の性選択形質 ○長谷川克 奈良教育大
13:30	Beyond conserved markers: enhancing deep node resolution via rigorous orthology filtering of 900 protein domains *Lina Uematsu1, Christopher J. Kay1, Davide Pisani1, Philip C. J. Donoghue1 1University of Bristol	日本犬の形質へのニホンオオカミゲノムの影響 ○松本藍1, 寺井洋平2, 松崎哲也3, 西田巖4 1総研大・統合進化, 2総研大・進化センター, 3 奥松島縄文村歴史資料館, 4佐賀市文化財課	相加的遺伝分散の変動を考慮した進化的救助の可能性と形質分化 ○大村颯1, 山口諒2 1北大・大学院生命科学院, 2北大・大学院先端生命科学研究院	羊膜類進化における骨化タイミングの異時性とモジュラリティ ○富澤佑真1, 森本直記2, 3, 小薮大輔1, 4 1中山大・生態学院, 2京大・院理, 3, 京大・PRIFS, 4筑波大・PMC
13:45	Development and diet jointly shape gut microbiome stability: Insights from energy landscape analysis of Japanese brown frog larvae 宇田駿介1, ○長谷和子1,2,3, 鈴木健大4,5, 千葉聡1,2 1東北大・院生命, 2東北大・東北アジア, 3京大・院地球環境, 4理研・BRC, 5横国大・IMS	Evidence of population-specific positive selection in the human CYP1A2 gene in Peruvians. ○知久彩楓1, 五條堀淳1,2, 嶋田葉子1,2 1総研大・先導研, 2総研大・統合進化	ドミナンスとプレスティージの社会的地位に基づくコストのかかる行動の文化進化シミュレーション ○増田暁 1, 田村光平 1 1 東北大・院環境科学	<i>Harmonia</i> 属テントウムシにおけるミューラー型擬態斑紋進化のゲノム基盤 ○野村翔太1、荒木祥文2、鈴木紀之3、山崎曜1、北野潤1、安藤俊哉4 1国立遺伝学研究所、2北海道大学地球環境科学研究所、3三重大学生物資源学研究科、4.東北大学生命科学研究科
14:00	メタゲノム解析からウミウシ類と胃内マイコプラズマの関係性を探る ○山田優佳1, 五條堀淳2, 寺井洋平2 1総研大・先導研, 2総研大・進化センター	現生人類におけるクロノタイプの進化 ○濱元祥子1、森谷悠香1、藤戸尚子2、樋口重和3、手島康介4、早川敏之5 1九州大・院システム生命科学、2新潟大・脳研究所、3九州大・芸工、4九州大・理、5九州大・基	液-液相分離液滴におけるRNA複製体のダーウィン進化 ○割谷壮1, 市橋伯一2, 水内良1 1早大・理工, 2東大・総合文化	ナミテントウの色彩パターン分化をもたらしたシス制御進化 ○Yuji Matsuoka1, Toshiya Ando1, Shinichi Morita2,3, Teruyuki Niimi2,3 1. 東北大・院生命、2.基生研、3.総研大
14:15	タイプ標本からのゲノムシーケンス手法の開発と分類学への応用 ○河野美恵子1、大村嘉人2、寺井洋平1 1総研大・統合進化, 2科博・植物	ネアンデルタール人特有変異からみるエネルギー代謝関連遺伝子領域の進化的考察 ○奥大河1, 五條堀淳2 1 総研大・統合進化, 2 総研大統合進化科学研究センター		シングル核RNAシーケンスによる一葉植物モノフィレアの異時性を制御する分子機構の解析 ○中村駿志、古賀皓之、塚谷裕一 東京大・院理

8月20日 A会場	B会場	C会場
S9：脊椎動物の形態進化を支える発生プログラム	S10：生態学×ゲノミクスで明らかにする適応進化の仕組み	S8：「性」と「種」はどう進化するのか？ — 性決定・交雑・種分化をつなぐ進化ダイナミクス —
14:45 S9-1 比較発生学から探る脊椎動物の筋形成プログラムの進化 日下部 りえ 関西大・化学生命工	14:45 趣旨説明 岸野 紘大 (名古屋大学 大学院理学研究科 生命理学専攻)	14:45 趣旨説明 林 舜 (広島大学両生類研究センター)
15:05 S9-2 腱・靱帯形成を制御する進化的に保存されたscleraxisエンハンサーの同定と機能解析 山家新勢1, 隅山健太2, 宿南知佐1 1 広島大・院医, 2 名大・院生命農	14:50 S10-1 ハチジョウノコギリクワガタの島嶼適応を支えるゲノム領域の探索 ○岸野紘大1, 岡田随象2,3, 後藤寛貴4, 白髭克彦5,6, 藤木克則5, 鄭慧子5, 岡田泰和1 1 名大・院理, 2 東大・院医, 3 理研・IMS, 4 静大・理, 5 東大・定量研, 6 カロリンスカ研・CMB	14:50 S8-1 なぜ無尾両生類における性決定システムは多様なのか？— 性決定遺伝子と性染色体の進化 — 林舜 広島大・両生類研セ
15:25 S9-3 sox9シス調節エレメントから探る脊椎動物の顎形成制御機構の進化 ○鈴木崇生1,2, Nusrat Hossain3, 井川武1,2, 鈴木誠1,2, 鈴木菜花2, 日下部 りえ4, 荻野肇1,2 1 広島大・院・統合生命, 2 広島大・両生研, 3 Cedars-Sinai Guerin Children's, 4 関西大・化学生命工	15:10 S10-2 イトヨにおける尾びれ鰭条の多様化と原因遺伝子の探索 ○玉井滉基1, 山崎遥2, 小北智之3, 森誠一4, 北野潤5, 石川麻乃1 1 東大・院新領域, 2 筑波大・生命環境, 3 九大・院農, 4 岐協大・創生研, (5) 遺伝研・生態遺伝	15:00 S8-2 Evolution of Sex and Species in <i>Oryzias javanicus</i> : From Sex Chromosome Turnover to Reproductive Isolation 竹花佑介 熊大・院先端科学
15:45 S9-4 脊椎動物に保存された骨格筋付着部位の位置決定機構 武智正樹 東京科学大・院医歯学総合	15:30 S10-3 転移因子の蓄積が駆動するゲノムサイズ種内変異：食植性昆虫ヒョウタンヅウムシ属をモデルとして ○村上翔太1 2, Po-Wei Hsu3, 土畑重人1 1 東大・総合文化, 2 かずさDNA研, 3 Dep. Entomol., Texas A&M Univ.	15:18 S8-3 大規模な祖先多型が駆動する‘ヴィクトリア湖シクリッド’の適応放散 ○中村遥奈1, 相原光人2, 二階堂雅人3 1 総研大・RCIES, 2 東京科学大・生命理工
16:05 S9-5 咽頭間相互作用による表情筋発生 ○足立礼孝 岩手医大・解剖	15:50 S10-4 生態ゲノミクスによる硫黄孔原植物ヤマタヌキランの強酸性土壌適応機構の解明 長澤耕樹1, 内藤健1, 瀬戸口浩彰2, 阪口翔太3 1: 農研機構, 2: 京大院・人環, 3: 京大院・農	15:36 S8-4 性選択と交雑の協働作用が導く種分化の理論 香川幸太郎 国立遺伝学研究所
16:25 S9-6 「ゲノム文脈」再構成による形態進化とエンハンサー進化の原理解明を目指して ○隅山健太1、田邊彰1, 中西晶子1, 松本爽花1 1 名大・院生命農	16:10 S10-5 集団ゲノム解析から探る日本産ハクサンハタザオの自家和合性進化 須田峻1, Mathieu Genete2, Adrián Contreras-Garrido2, 玉金 勇樹1, 久保田涉誠3, 森長真一4, 赫英紅5, 石川直子5, 陶山佳久5, Xavier Vekemans2, Sylvain Billiard2, Vincent Castric2, 土松隆志1 1 東大・院理, 2 Univ. Lille, 3. エネオス, 4 帝京科学大・生命環境, 5 東北大・院農	15:54 S8-5 繁殖干渉がつなぐ性と種と多様性 鈴木紀之 1 三重大
		16:12 S8-6 Why Do Sex and Species Continue to Evolve?— Evolutionary Dynamics Driven by Intergenic and Intergenomic Conflict and Selfish DNA 伊藤道彦 北里大・理
		16:35 総合討論

キタンホール

プレナリー講演2

17:00~

ヘッケルの構想と現代の進化発生学の課題

18:30

倉谷 滋 博士（東京科学大学・理化学研究所）

名古屋大学生協食堂

18:30~

懇親会

20:30

ポスター発表賞・口頭発表賞の表彰

8月21日 A会場	B会場	C会場	D会場
S13：進化アセンブリ学 × 進化可能性変動史		S11：「ここまで出来る！ 環境DNA×進化学研究」	S12：ホモ・サピエンスの認知能力の進化
9:30 S13-1 脊椎動物形態進化における進化可能性変動 ○平沢達矢1 1東大・院理		9:30 S11-1 どこまで出来る？ 環境DNA x 進化学研究 荒木仁志 北大院農	9:30 S12-1 ヒトはどのような認知機能をいつごろ進化させたのか 河田雅圭 東北大・教養教育院
9:50 S13-2 顔面の劇的な形態進化を生んだ発生トラジェクトリーの分水嶺 ○東山大毅1 1総研大・RCIES		9:50 S11-2 環境DNA手法を用いたハナカジカとエゾハナカジカの系統地理学的研究 ○白石健太1, 神戸崇2, 井上頌子3, 坂田雅之4, 荒木仁志5 1北海道大・農学院, 2北海道大・農学研究院, 3北海道大・農学研究院, 4北海道大・農学研究院, 5北海道大・農学研究院	9:50 S12-2 古代ゲノム研究が「認知革命」という言説に与えた影響に関する考察 太田 博樹 東京大・院理
10:10 S13-3 動物の色彩平行進化から考える進化可能性 安藤俊哉1、安齋賢2 1東北大・院生命, 3岡山大・院環境生命		10:15 S11-3 環境DNAを用いた系統地理研究：到達点と展望 辻冴月1, ○渡辺勝敏2 1京大・院情報, 2京大・院理	10:10 S12-3 ヒト独自の脳皮質発生プログラムを支える遺伝メカニズム ○鈴木郁夫1、Xuanhao D. Sheu1 1阪大・院生命機能
10:30 S13-4 古代地球のリズムに呼応した時計タンパク質KaiCの構造進化 古池美彦1,2 1自然科学研究機構分子科学研究所, 2総合研究大学院大学		10:40 S11-4 環境DNAハプロタイピングによる外来種の広域遺伝構造解析と拡散経路推定 ○内井喜美子 大阪大谷大・薬	10:30 S12-4 ヒト進化を担うシス制御変異の網羅的同定 井上詞貴 京都大学・ASHBi
10:50 S13-5 深層学習を用いた多種比較から迫る鳥類前肢における形態多様性の遺伝子制御基盤 上坂将弘1 1東北大・生命		11:05 S11-5 環境DNAに基づく核遺伝子の分析：グッピーのオプシン遺伝子LWS-1多型の検出 鶴井香織1, 佐藤行人2, 勝部尚隆1, 立田晴記3, 辻 和希1 1琉大・農, 2琉大・医, 3九大・院理,	10:50 S12-5 言語と音楽：人間の特異性はどう発生したのか 岡ノ谷一夫1 1帝京大学・先端総合研究機構
11:10 S13-6 多要素システムの進化を描く：マクロ進化プロセスからマクロ進化パスウェイへ ○鈴木誉保 順大・医			11:10 コメント 松前ひろみ (東海大学・医学部)
			11:20 総合討論

8月21日	A会場	B会場	C会場	D会場
	座長：勝村啓史、中川草	座長：藤戸尚子、酒井祐輔	座長：原雄一郎、齊藤茂	座長：今西規、郷康広
13:00	可塑性制御領域のCpG消失がメダカ腸長の可塑性主導進化における遺伝的同化を駆動する ○勝村啓史1, 佐藤克2, 山下佳那2, 尾田正二3, 覚張隆史4, 田中翔大2, 藤谷和子5, 西横俊之5, 今井正6, 吉浦康寿7, 武島弘彦8, 橋口康之9, 関田洋一10, 三谷啓志3, 小川元之5, 竹内秀明11, 太田博樹12 1九大・院芸工, 2北里大・理, 3東大・院新領域, 4金沢大・古代文明文化資源研, 5北里大・医, 6水産機構・水技研, 7福井県大・海洋生物資源, 8福井県里山里海湖研, 9大阪医薬大・医, 10北里大・院理, 11東北大・院生命科学, 12東大・院理	ヒトAPOBEC3クラスター領域における旧人共有ハプロタイプBの進化 ○藤戸尚子1, Revathi Devi Sundaramoorthy4, 颯田葉子2, 井ノ上逸朗3 1新潟大学・脳研, 2総研大・統合進化科学研究センター, 3遺伝研・人類遺伝, 4SRM Institute of Science and Technology, India	脊椎動物ゲノムから読み解く祖先染色体構造とゲノム環境 ○原雄一郎1 1北里大・未来工学	十脚類カニ化の心臓再編を支えるl-connectinのゲノム可塑性 ○花島章, 木元弥咲, 大平桃子, 斎藤優気, 橋本謙, 毛利聡 川崎医大・生理 1
13:15	教師なし説明可能型AIによるゲノム解析：相補的oligonucleotide対間のskewを生む進化機構の研究 ○池村淑道1,2, 岩崎裕貴1, 和田健之介1, 和田佳子1, 阿部貴志3 1長浜バイオ大・バイオサイエンス, 2 (公財)遺伝学普及会・シニア科学アカデミー, 3 新潟大 自然科学研究科	古代人からの遺伝子流入により獲得した新規免疫受容体遺伝 ○河合洋介1,2、平安恒幸3、Thi Thu Thao Nguyen3、Seik-Soon Khor4、細道一善5、華山力成3、徳永勝士2、長崎正朗6 1.遺伝研・ヒト集団ゲノム, 2.国立国際医療研究so・ゲノム医科学, 3.金沢大・環境スト研セ, 4.南洋工科大学, 5.東京薬科大・生命科学, 6.九州大学・生医研	染色体融合が駆動するゲノム再構築 ○吉田恒太 1 1 新潟大・脳研	哺乳類の歯の欠失と歯式の進化をスunksから探る ○森田航1,2,目加田和之3,山中淳之4 1科博・生命史、2 東大・理、3 岡山理大・理、4 鹿児島大・医歯
13:30	種内適応分化変異大量検出による適応進化素過程の1アミノ酸分解能での解析 ○小林一三1,2,3、西出浩世1, 内山郁夫1, 福世真樹4, 長田直樹5 1基生研・ゲノム情報. 2法政大学・マイクロナノ. 3東大・メディカル情報生命. 4千葉大・医. 5北大・情報.	分子進化学的解析による若年者大腸がんにかかわるがんドライバ―遺伝子の探索 ○瀬戸陽介1、長山聡2、片山量平1 1がん研・化療・基礎、2宇治徳洲会病院	イトヨの染色体融合に伴うテロメアとセントロメアの進化 山崎曜1, 豊田敦1, 北野潤1 1遺伝研	ミノウミウシ類の背側突起形成機構と進化的起源 金井直樹1, 小口晃平1, ○三浦徹1 1東大・院理・臨海
13:45	Coalescent Distortion Indexによる片親性ダイソミーの検出 三澤計治1, 2 1横浜市立大・データサイエンス学部, 2理研AIP	バクテリアのプロリン呼吸：アブラムシ任意共生細菌の爆増系統が示すゲノム適応 野崎友成1,2、Yen Chi Nguyen1,2、重信秀治1,2 1基礎生物学研究所, 2総合研究大学院大学	SplitAligner：比較系統ゲノミクスにおける遺伝子間分枝座標アラインメント ○呉 佳齊 広島大・院統合生命科学	内在性レトロウイルス挿入がもたらすパンダマウスの表現型進化 田邊彰1, 今井悠二2, 小出剛2,3 1名大・動物遺伝, 2遺伝研・マウス開, 3総研大・遺伝
14:00	ヒトYKL-39の変異活性化が示すキチナーゼ活性喪失後の進化的保持 ○鈴木溪太, 金泉智貴, 榎本悠那, 佐藤恭香, 大川一明, 田畑絵理, 坂口政吉, 小山文隆 工学院大・先進工・生命化学	昆虫および近縁節足動物における上皮カドヘリンの接着特異性の進化と構造的仕組み：網羅的変異解析とクライオEM解析に基づく研究 丹羽将之1,2, 笠井一希3,4, 津山泰一1, 劉景宣1,2, 成田哲博5, 牧野文信3,4,6, 宮田知子3,4, 難波啓一3,4, ○小田広樹1,2 1JT生命誌, 2阪大・院理, 3阪大・院生命機能, 4阪大・日本電子YOKOGUSHI, 5名大・院理, 6日本電子	AdMAP: 集団史混交グラフによる環境適応の時空間マッピング統合解析パッケージ ○中道礼一郎1, Jeffrey L. Thorne2, 岸野洋久3 1水産機構・資源研, 2BRC, NC State Univ, 3東大・院農	現代日本人顔形状のクラスター分析による縄文顔と弥生顔の探索 ○今西規1、ゲノムモンタージュプロジェクト 1東海大・医
14:15	休憩	休憩	休憩	休憩

8月21日	A会場	B会場	C会場	D会場
14:30	生物時計の進化学 -保存された振動体と生物界特異的な転写出力装置- 金 尚宏 量子科学技術研究開発機構・量子生命科学研究所・生物時計チーム	日本におけるエンマコオロギの遺伝的多様性および進化史の推定 里村和浩1、小倉淳1 1長浜バイオ・バイオサイエンス	リュウキュウカジカガエル幼生における高温忌避行動の可塑性に關与する候補遺伝子の同定 齋藤くれあ1、野澤昌文2,3、井川武4、○齋藤 茂1,5 1長浜バイオ大・アニマルバイオ、2東京都立大・理、3東京都立大 生命情報セ、4広島大・両生類研セ、5長浜バイオ大・院バイオサイエンス	ヒトと類人猿の脳における単一細胞比較オミクス解析 ○郷康広1, 2, 3, 辰本将司1, 野口京子1, 臼井千夏1 1自然科学研究機構・生命創成探究センター、2自然科学研究機構・生理研、3兵庫県大・情報
14:45	Splitting and Joining：多重配列アライメントなしで系統樹推定するための統合的アプローチ ○松井求1 1京大・化研	Experimental evolutionary study for cold tolerance and acclimation in <i>Drosophila albomicans</i>. Diksha Gautam, Arisa Tsuji, Yoshitaka Ogawa, Koichiro Tamura Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan University	ネッタイツメガエル遺伝子破壊個体から解き明かす高温センサーTRPA1の環境適応における役割 ○沖田桜羅1、齋藤くれあ2、齋藤茂1,2 1長浜バイオ大学大学院・バイオサイエンス、2長浜バイオ大学アニマルバイオサイエンス	直翅目昆虫の前翅発音器にみられる左右非対称性の発生機構 ○中村太郎1, 2、新美輝幸1, 2 1. 基礎生物学研究所 進化発生研究部門, 2. 総合研究大学院大学 先端学術院
15:00	収斂進化を起点とした遺伝子機能予測と表現型予測 ○福島健児1, 西口智也1 国立遺伝学研究所	造礁サンゴの光受容タンパク質オプシンが示す多様かつ新規な分子特性の解析 ○酒井 祐輔1、杉原 智博1、懸山 裕希矢1、岩崎 誠1、小柳 光正1、寺北 明久1 1大阪公立大・院理・生物	抗生物質耐性進化の軌跡と歴史依存性：大腸菌の8次元耐性能空間による進化動態の記述 佐藤駿平1, 芝井厚1, 小谷葉月1, 横井直美1, ○古澤力1,2 1理研・生命機能, 2東大・生物普遍性	虫こぶ形成の宿主・非宿主を分ける分子進化的解析 熊谷佳奈子1、土`田 努2、○別所-上原 奏子1 1東北大・生命科学、2富山大・理学
15:15	集団の混合における選択の検出 ○岸野洋久1, 中道礼一郎2, Jeffrey L. Thorne3 1中央大・研究開発機構, 2水産研究・教育機構, 3ノースカロライナ州立大・統計／生物	脊椎動物におけるフェロモン受容体遺伝子V1Rの二段階進化 ○張子聡1, 中牟田祥子2, 中牟田信明2, 二階堂雅人3 1京大・ASHBi, 2,岩手大・獣医, 3科学大・生命理工	エチレン関連代謝経路の転用を介した除草剤抵抗性の進化 石澤日向1, 中ノ森月菜2, Kowit Hengphasatporn3, 西村和紗4, 石坂真澄5, 秋本千春6, 菅原まなみ7, 遠藤真咲6, 鈴木倫太郎5, Danrui Su2, 保田謙太郎8, 重田育照3, 権藤崇裕7, 内野彰9, ○岩上哲史2 1京大・農, 2農工大・農, 3筑波大・計算科学研セ, 4岡山大・農, 5農研機構・分析研, 6農研機構・生物研, 7宮崎大・フ, 8秋田県大・アグリイノベ, 9農研機構・中農研	
15:30	霊長類における内在性レトロウイルス由来env遺伝子の宿主化と進化 北尾晃一1, Kryukov Kirill2, Jin Lihua3, 新宅勇太4, 早川卓志5, ○中川草3 1理研・生医研セ、2情報・システム研、3東海大・医、4日本モンキーセ、5北大・環生		種間相互作用が生み出す隔離と反復的な種分化 ○山口諒1, 山崎曜2, José Said Gutiérrez-Ortega3, 松林圭4 1北大・院先端生命, 2遺伝研・生態遺伝, 3理研・iTHEMS, 4酪農大・環境共生	

21日 キタンホール

表彰式、総会、受賞講演

15:45～	高校生ポスター表彰式 総会
16:45	学会各賞授賞式
16:45～	学会賞受賞講演
17:45	

22日 S30講義室

進化学夏の学校

9:30～	「非モデル生物の進化研究のためのゲノム解析入門 ～ゲノムプロジェクトの設計からアセンブリ・アノテーションまで～」 講師：重信 秀治（基礎生物学研究所／筑波大学／総合研究大学院大学）
12:00	

市民公開講座「動物の装飾や武器はどのように進化してきたか」

13:00～	13:00～ 岩田 容子 博士（東京大学） 「イカにみられる柔軟で巧みな繁殖戦略」
	13:40～ 小島 渉 博士（山口大学） 「カブトムシの求愛と闘争」
	14:20～ 休憩
	14:35～ 長谷川 克 博士（奈良教育大学） 「機能美・造形美・かわいさから見たツバメの世界」
	15:15～ まとめと全体質疑 岡田泰和（名古屋大学）
15:30	

2026 年度日本進化学会賞受賞者

日本進化学会賞

「日本進化学会賞」は、進化学や関連する分野において学術上非常に重要な貢献をした者に、故木村資生博士の当分野における世界的な業績を記念して授与されます。

受賞者

北野 潤（国立遺伝学研究所）

「野生動物における種分化と適応進化の遺伝機構に関する研究」

北野 潤氏には公益信託進化学振興木村資生基金「木村資生記念学術賞」も授与されます。

受賞記念講演

2026 年 8 月 21 日 17:00~18:00 名古屋大学 キタンホール

日本進化学会 研究奨励賞

「日本進化学会 研究奨励賞」は、進化学や関連する分野において、研究業績上大きな発展が期待される若手の学会員に授与されます。

受賞者

飯島正也（中国科学院古脊椎動物与古人類研究所）

「ワニ類の進化古生物学的研究」

今 鉄男（ウィーン大学）

「観賞魚を中心とした表現型多様化と環境適応の進化ゲノミクス研究」

佐藤大気（筑波大学）

「行動の多様性に関する分子の基盤の解明および進化学的研究」

田中良弥（名古屋大学）

「神経科学的視点に基づく昆虫の行動進化に関する研究」

日本進化学会 教育啓発賞

「教育啓発賞」は、進化学や関連する分野において、教育啓発に大きな功労のあった者に授与されます。

受賞者

更科 功

「啓蒙書出版による進化学普及への貢献」

プレナリー講演

2026年8月19日（水） 15：15～16：45

プレナリー1：海洋生物から探る単細胞性・多細胞性の進化

五島 剛太 博士（名古屋大学菅島臨海実験所）

本講演では、単細胞性と多細胞性の進化について、海で採集した生物を対象とした遺伝学・細胞生物学的研究で得られた知見を基に議論したいと思います。

私は学部卒業研究以来25年間、モデル生物や培養細胞を用いて微小管関連の細胞生物学・生化学研究に従事してきました。ところが6年前、思いがけず離島の臨海実験所に研究拠点を移すことになり、近海で海藻や海生真菌の採集を始めました。そこで出会った生物は私にとって新鮮で、驚きの連続でした。海藻では、単細胞でありながら10 cm以上に成長し、特徴的な形態を形成する緑藻・ハネモに魅了されました。単細胞のまま大型化・複雑化する仕組みに興味を持ち、これまでにゲノム解読やRNAi法の開発などを進め、モデル生物化に取り組んできました。真菌では、栄養状態に応じて単細胞増殖と多細胞体成長を切り替える「可塑的多細胞生物」種を単離しました。遺伝子組換え法を開発し、成長様式の切り替えに必要な遺伝子群を同定しました。さらに近縁種として、恒常的多細胞性種、恒常的単細胞性種、および可塑的ではあるものの切り替え機構の異なる種も単離しました。これらは、多細胞生物の進化を考える上で興味深い研究材料になると考えています。

2026年8月20日（木） 17：00～18：30

プレナリー2：ヘッケルの構想と現代の進化発生学の課題

倉谷 滋 博士（東京科学大学・理化学研究所）

進化発生学（Evo-Devo）の成立は、これまで発生学を進化学へ導入した出来事として評価されることが多かった。しかし私は、この理解は十分ではないと考えている。第一に、発生を通して進化を理解しようとする試みは、ダーウィン以前からすでに存在し、それは不完全ながらも19世紀後半にいたってヘッケルの反復説、すなわち「生物発生原則：Biogenetisches Grundgesetz」へと結実していた。それを応用した典型的学説として「ガストレア説」を位置づけることができる。そこでは、個体発生を階層的な個体性の形成過程として理解する形態学的枠組みが提示され、現代の進化発生

学もその歴史的延長上にある。一方でヘッケルは、クダクラゲを用いた比較発生学実験をもおこない、発生経路の変更として形態進化を解釈する方法の萌芽を示しつつあった。しかし、1870年代、ヘッケル発生学に批判的なヴィルヘルム・ヒスの登場を切掛けに、発生学は共時態の学としての発生機構学（実験発生学）と通時態の学としての比較発生学へと分裂していった。20世紀末における進化発生学の興隆は、この2つの立場の再融合を目指す試みとして理解することができる。本講演ではまず、ヘッケルのカエノゲネジス（変形発生）、ゼヴェルツォッフの二次アルシャラクシス論、Neafの末端変形理論を現代的視点から再解釈し、発生経路そのものが進化の過程でどのように改変されるのかを考察することによって、反復説の次に来るべきステップを考える。第二に、現代の進化発生学は発生の重要性を明らかにしたもの、なお集団遺伝学や進化生物学と十分な理論言語を共有しているとは言い難い。現在の進化理論では、ゲノム型から表現型への対応は写像として扱われ、発生プロセスは相変わらずブラックボックスとなることが多い。しかし、形態進化の実体は、その中間に存在する発生過程の変化にある。Waddingtonのエピジェネティック・ランドスケープは、この発生過程を可視化した試みであったが、本来それは細胞分化を記述するモデルであり、形態形成そのものを扱うには限界がある。そこで、このランドスケープを拡張し、ゲノム空間（G層）、細胞活動空間（C層）、形態形成空間（M層）から成る三層構造として系を捉える枠組みを提案する。形態形成は細胞活動から葉裂する独立した統合レベルとして成立し、その上には発生拘束によって形成された単一路の発生経路（クレオド）が存在する。ファイロタイプや発生拘束は、このM層に形成された保存的構造として理解される。このC層からC層とM層が重層化した状態（C層+M層）への葉裂は、ヘッケルが想定した個体性の序次の階層的構造を現代的に読み替えたものである。さらに、発生的応答規準（Developmental Reaction Norm: DRN）の概念を導入し、自然選択は完成した表現型のみならず、その表現型を実現する発生経路を同時に選択するという立場を提示する。表現型への選択圧は、安定化選択や遺伝的同化を通じて発生プログラムへ内部化され、最終的にはゲノム構造の変化へと結びつく。この視点は、発生経路の変化を進化過程の中心に位置づけることで、発生学と進化学を統合する理論的基盤を与えるものと考えられる。進化発生学はこれまで形態進化の理解に大きく貢献してきた。しかし今後は、発生系を進化理論の中に明示的に位置づけ、発生過程・自然選択・ゲノム進化を統一的に理解する新たな理論体系の構築へ進む必要がある。本講演では、そのための概念的枠組みと、進化学の今後の展望について考える。

シンポジウム

S1: 光グローバル：進化が創り出した光利用の実像の理解

学術変革領域研究 (A)「多次元グローバル光バイオロジー：光が照らす生命現象の未知の沃壤（光グローバル）」との共催

日時：2026 年 8 月 19 日（水）13 時 00 分～15 時 00 分

会場：A 会場

企画代表者：

小柳光正（大阪公立大学大学院理学研究科）

今井啓雄（京都大学ヒト行動進化研究所）

言語：日本語

生命誕生以来、光は普遍的かつ重要な環境情報・エネルギー源として利用されてきた。生物の光利用では、動物の視覚や植物の光合成がよく知られているが、近年、既知の光利用は氷山の一角に過ぎないことがわかってきた。この生物の光利用というテーマは、全分類群の生物を対象とし、幅広い研究手法や研究階層にまたがる、多次元的かつ広範な研究領域である。本シンポジウムでは、生物の光利用に関する多様な階層・視点からの研究を紹介し、進化が創り出した光利用の多様性やさらなる広がりについて議論したい。

講演順と時間割

13 時 00 分～13 時 05 分	S1-0	小柳光正（大阪公立大学大学院理学研究科）
13 時 05 分～13 時 25 分	S1-1	今井啓雄（京都大学ヒト行動進化研究所）
13 時 25 分～13 時 50 分	S1-2	福田彩華（基礎生物学研究所神経行動学研究部門）
13 時 50 分～14 時 15 分	S1-3	吉澤晋（東京大学大気海洋研究所）
14 時 15 分～13 時 40 分	S1-4	濱田麻友子（岡山大学臨海実験所）
14 時 40 分～15 時 00 分	S1-5	小柳光正（大阪公立大学大学院理学研究科）

S2：トランスポゾンによる遺伝情報拡散とパンゲノム進化

日時：2026 年 8 月 19 日（水曜日）13 時 00 分～15 時 00 分

会場：B 会場

企画代表者：大島一彦（長浜バイオ大学）

言語：日本語

トランスポゾンの水平伝播が、近年多数報告されている。今ではヒトゲノムの 17% を占める L1 LINE が、元々他の系統から脊椎動物の祖先に水平伝播して来たという俄かに信じがたい可能性が提起されている。ウシなどの反芻類では、現在 L1 と比肩する数の Bov-B LINE が、爬虫類から水平伝播し増幅したことが確実である。トランスポゾンはどのようにして水平伝播し、いかにゲノム防御機構をかい潜って増幅できたのか。ウイルスや単細胞生物と多細胞真核生物の水平伝播の違いや、水平伝播とゲノム内転移のメカニズム、集団ゲノミクスやパンゲノム解析から見た水平伝播などについて議論する。

講演順と時間割

13 時 00 分～13 時 10 分 S2-1 大島一彦

（長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部）

13 時 10 分～13 時 32 分 S2-2 小島健司

（Genetic Information Research Institute; University of Arizona）

13 時 32 分～13 時 54 分 S2-3 北尾晃一（理研・IMS）

13 時 54 分～14 時 16 分 S2-4 ZHAO Hongda（京都大学・化学研究所）

14 時 16 分～14 時 38 分 S2-5 疋田弘之（国立感染研究所）

14 時 38 分～15 時 00 分 S2-6 小野竜一（国衛研・安全性生物試験研究センター）

S3：多様性の至近・究極要因を繋ぐ「ゆらぎ」

日時：2026年8月19日（水曜日）13時00分～15時00分

会場：C会場

企画代表者：石郷岡 潤

（Friedrich Miescher Laboratory of the Max Planck Society）

言語：日本語

同じ遺伝子型を持ち、同じ環境を経験しても、遺伝子発現から形態・行動まであらゆる形質には個体間のばらつきが生じる。しかし、生命現象に遍在する「ゆらぎ」がどう生じ、制御されているか、またゆらぎが適応にどう影響し、ゆらぎ自体がどう進化するかは十分理解されていない。本シンポジウムでは、さまざまな実験モデルや理論を用いてゆらぎを扱う5名の研究者が登壇し、進化生物学における「ばらつき」の新たな側面を議論する。

講演順と時間割

13時00分～13時10分 S3-0 背景・講演者紹介

13時10分～13時30分 S3-1 高橋佑磨

（千葉大学 大学院理学研究院 生物学研究部門）

13時30分～13時50分 S3-2 津留三良

（東京大学 理学系研究科附属生物普遍性研究機構）

13時50分～14時10分 S3-3 横井佐織（北海道大学 薬学研究院）

14時10分～14時30分 S3-4 内田唯

（理化学研究所 生命機能科学研究センター 発生幾何研究チーム）

14時30分～14時50分 S3-5 石郷岡潤

（Friedrich Miescher Laboratory of the Max Planck Society）

14時50分～15時00分 S3-6 全体討論

S4：新規環境への進出にともなう生物の適応戦略を探る

日時：2026 年 8 月 19 日（水曜日）13 時 00 分～15 時 00 分

会場：D 会場

企画代表者：平松楓佳（東京大学大学院 新領域創成科学研究科）

柄澤匠（北海道大学大学院 環境科学院）

言語：日本語

生物が新たな環境へ進出する際には、生理・形態・行動の変化をとともなう適応が不可欠である。現在、様々な生物を材料に、新たな環境の中で進化した形質や適応の可能性に関する研究が進んでいる。近縁の系統が生息できない困難な環境や、急激に環境条件が変化する都市に適応した生物には、どのような特徴が見られるだろうか。本企画では、様々な分類群を対象とし、遺伝子から生態までを含む 5 つの研究例から環境進出にともなう生物の適応戦略の特殊性と一般性に関して議論したい。

講演順と時間割

13 時 00 分～13 時 10 分 S4-1 平松 楓佳（東京大学 新領域創成科学研究科）

13 時 10 分～13 時 30 分 S4-2 西口智也（国立遺伝学研究所 新分野創造研究系）

13 時 30 分～13 時 50 分 S4-3 丹伊田 拓磨（国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系）

13 時 50 分～14 時 10 分 S4-4 Puspawati Adiseputra

（岡山大学 環境生命自然科学研究科）

14 時 10 分～14 時 30 分 S4-5 高麗 泰矢（東邦大学 理学研究科）

14 時 30 分～14 時 50 分 S4-6 朝鍋 遥（東京大学 総合文化研究科）

S5：複雑な甲殻類ゲノムの新展開：進化・生態・水産をつなぐ

日時：2026 年 8 月 20 日（木曜日）9 時 00 分～11 時 00 分

会場：A 会場

企画代表者：佐藤大気（筑波大学 生命環境系）

牧野能士（東北大学 生命科学研究科）

言語：日本語

甲殻類は形態・生理・行動・生活史における顕著な多様性と水産資源としての重要性を併せ持ち、その成長や繁殖、環境耐性、病原体応答などの理解は、基礎生物学と応用科学の双方に大きな意義を持つ。近年、長鎖シーケンス等によりゲノム情報が急速に蓄積し、非モデル甲殻類においても分子レベルの解析基盤が整いつつある。一方で、反復配列や重複、構造変異に富む巨大で複雑なゲノム構造をどう解釈するかは依然として課題である。本シンポジウムでは、甲殻類の多様性とゲノム研究の接点を、進化・生態・水産の観点から議論する。

講演順と時間割

9 時 00 分～ 9 時 30 分	S5-1	講演者 1 佐藤大気（筑波大学）
9 時 31 分～ 9 時 56 分	S5-2	講演者 2 乾直人（国立遺伝学研究所）
9 時 57 分～10 時 22 分	S5-3	講演者 3 川戸智（東京海洋大学）
10 時 23 分～10 時 48 分	S5-4	講演者 4 豊田賢治（広島大学）
10 時 49 分～11 時 00 分		総合討論

S6: How microevolutionary mechanisms produce macroevolutionary patterns

Date: August 20, 2026 (Thursday) 09:00~11:00

Room: B

Organizers: Daohan Jiang (Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University)

Language: English, Japanese

An enduring question in evolutionary biology is how microevolutionary mechanisms operating at population levels can explain patterns of macroevolution over geological timescales. Classic models to describe macroevolutionary patterns are usually phenomenological and therefore loosely connected to mechanisms of evolution. More recently, methods for phylogenetic comparative analysis have started to incorporate evolutionary models linked to theories of population genetics, quantitative genetics, and developmental biology. Yet, this line of research is still in its infancy and has not yet been widely applied to empirical data at different levels of biological organization. This symposium will bring together researchers who (1) develop theoretical models that predict how microevolutionary mechanisms generate macroevolutionary patterns, (2) develop phylogenetic comparative methods to infer evolutionary mechanisms from macroevolutionary patterns, or (3) perform empirical studies that shed light on mechanisms contributing to major macroevolutionary patterns or transitions, across fields including but not limited to molecular evolution, quantitative genetics, phylogenetics, evo-devo, and paleobiology. We aim to showcase state-of-the-art approaches that bridge microevolution and macroevolution and stimulate the broader use of these powerful approaches in evolutionary biology to advance our understanding of the mechanisms underlying the origin of biodiversity.

Time table

09:00 ~ 09:20 S6-1 Jun Kitano (Ecological Genetics Laboratory, National Institute of Genetics)

09:20 ~ 09:40 S6-2 Daohan Jiang (Macroevolution Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University)

09:40 ~ 10:00 S6-3 Naoki Irie (Research Center for Integrative Evolutionary Science, The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI)

10:00 ~ 10:10 Break

10:10 ~ 10:35 S6-4 Hiroshi Ito (Research Center for Integrative Evolutionary Science, The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI)

10:35 ~ 11:00 S6-5 Lauren Sallan (Macroevolution Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University)

S7：植物を舞台に進化をみる

日時：2026 年 8 月 20 日（木曜日） 9 時 00 分～11 時 00 分

会場：C 会場

企画代表者：福島 健児（国立遺伝学研究所）、別所-上原 奏子（東北大学）

言語：日本語

植物とそれを取り巻く環境は、発生・応答・生物間相互作用を通じて、進化の仕組みを読み解く格好の舞台である。本シンポジウムでは、植物研究者に加え、植物をめぐる昆虫・共生系の研究者を招き、植物を起点に広がる進化生物学の最前線を議論する。進化学会をおもな発表の場としない研究者も講演者に迎えることで、分野を越えた交流を促す。あわせて子ども連れでの参加も歓迎し、多様なライフステージの研究者が集える場を目指す。

講演順と時間割

9 時 00 分～ 9 時 04 分	趣旨説明
9 時 04 分～ 9 時 32 分	S7-1 須崎 大地（静岡大学 大学院総合科学技術研究科）
9 時 32 分～10 時 00 分	S7-2 養老 瑛美子（大阪大学 大学院理学研究科）
10 時 00 分～10 時 28 分	S7-3 永井 啓祐 （名古屋大学 生物機能開発利用研究センター）
10 時 28 分～10 時 56 分	S7-4 土`田 努（富山大学 学術研究部 理学系）
10 時 56 分～11 時 00 分	総合討論

S8: 「性」と「種」はどう進化するのか？

ー性決定・交雑・種分化をつなぐ進化ダイナミクスー

日時：2026年8月20日（木曜日）14時45分～16時45分

会場：C会場

企画代表者：林 舜（広島大学両生類研究センター）

伊藤 道彦（北里大学理学部）

言語：日本語

有性生殖は、生物の多様性を生み出す原動力であると同時に、性比の偏り、交雑、繁殖干渉、生殖隔離などを通じて、種の成立や存続にも深く関わっている。本シンポジウムでは、「性」と「種」を個別の現象としてではなく、生殖をめぐる相互作用の中で結びつく進化現象として捉える。新規性決定遺伝子の出現や性染色体の転換、性選択と交雑による種分化、祖先多型を利用した急速な適応放散、繁殖干渉が近縁種の共存や排除、ひいては種多様性に与える影響、さらに遺伝子間・ゲノム間コンフリクトや利己的DNAの役割を取り上げる。これらの研究を通じて、遺伝子・ゲノムから集団・生態レベルまでを横断し、「性」がどのように決まり、「種」がどのように生まれ、維持され、多様化するのかを議論する。

講演順と時間割

14時45分～14時50分 趣旨説明 林 舜（広島大学両生類研究センター）

14時50分～15時00分 S8-1 林 舜（広島大学両生類研究センター）

15時00分～15時18分 S8-2 竹花 佑介（熊本大学大学院先端科学研究部）

15時18分～15時36分 S8-3 中村 遥奈

（総合研究大学院大学統合進化科学研究センター）

15時36分～15時54分 S8-4 香川 幸太郎（国立遺伝学研究所）

15時54分～16時12分 S8-5 鈴木 紀之（三重大学生物資源学部）

16時12分～16時35分 S8-6 伊藤 道彦（北里大学理学部）

16時35分～16時45分 総合討論

S9：脊椎動物の形態進化を支える発生プログラム

日時：2026 年 8 月 20 日（木曜日）14 時 45 分～16 時 45 分

会場：A 会場

企画代表者：隅山 健太（名古屋大学大学院生命農学研究科）

日下部 りえ（関西大学化学生命工学部）

言語：日本語

「形はどのように進化するのか？」—脊椎動物は、顎の獲得や頭部形態の多様化、運動器の高度な発達を通じて、多彩な身体機能を生み出してきた。その主な原動力は、骨格、筋、腱・靱帯、顎顔面、頭部・体幹境界などを形成する発生プログラムの変化にある。本シンポジウムでは、筋骨格結合組織、運動器形成、下顎進化、顎・中耳・鼓膜、頭部形態を題材に、形態多様性を生み出す発生制御機構を議論する。比較発生学、ゲノム制御、組織形成の視点を融合し、「発生プログラムの改変」という共通の視点から、脊椎動物の形態進化の原理に迫る。

講演順と時間割

14 時 45 分～15 時 05 分	S09-1	日下部 りえ（関西大学化学生命工学部）
15 時 05 分～15 時 25 分	S09-2	山家 新勢（広島大学大学院医系科学研究科）
15 時 25 分～15 時 45 分	S09-3	鈴木 崇生（広島大学両生類研究センター）
15 時 45 分～16 時 05 分	S09-4	武智 正樹 （東京科学大学大学院医歯学総合研究科）
16 時 05 分～16 時 25 分	S09-5	足立 礼孝（東京科学大学）
16 時 25 分～16 時 45 分	S09-6	隅山 健太（名古屋大学大学院生命農学研究科）

S10：生態学×ゲノミクスで明らかにする適応進化の仕組み

日時：2026 年 8 月 20 日（木曜日）14 時 45 分～16 時 45 分

会場：B 会場

企画代表者：岸野紘大（名古屋大学理学研究科）

須田峻（東京大学 大学院理学系研究科）

言語：日本語

次世代シーケンサーの普及により、野生生物のゲノム解析は飛躍的に容易になった。こうしたゲノム情報を生態的な背景と結びつけることで、「なぜその形質が進化したのか」「どのような選択圧が作用したのか」という進化学的な問いに実証的に迫ることが可能になりつつある。

本シンポジウムでは、ゲノムデータと生態学的知見を統合して適応進化の解明に挑む若手研究者をお呼びし、分類群の枠を超えた議論を通じて、野生集団のゲノム研究が進化生態学にもたらす可能性を展望したい。

講演順と時間割

14 時 45 分～14 時 50 分（趣旨説明）岸野紘大

（名古屋大学 大学院理学研究科 生命理学専攻）

14 時 50 分～15 時 10 分 S10-1 岸野紘大

（名古屋大学 大学院理学研究科 生命理学専攻）

15 時 10 分～15 時 30 分 S10-2 玉井滉基

（東京大学 大学院新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻）

15 時 30 分～15 時 50 分 S10-3 村上翔大

（東京大学 大学院総合文化研究科、公益財団法人かずさ DNA 研究所）

15 時 50 分～16 時 10 分 S10-4 長澤耕樹

（国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 遺伝資源研究センター）

16 時 10 分～16 時 30 分 S10-5 須田峻

（東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻）

16 時 30 分～16 時 45 分（総合討論）

S11：「ここまで出来る！ 環境 DNA×進化学研究」

日時：2026 年 8 月 21 日（金曜日）9 時 30 分～11 時 30 分

会場：C 会場

企画代表者：荒木 仁志（北海道大学大学院農学研究院）

言語：日本語

集団遺伝学は理論研究を基盤として発展し、今では DNA 分析やゲノミクスによる実証研究が盛んとなっている。一方、野外集団の遺伝的構造やその時空間変化を正確に捉えるには、多数個体・広域・長期的な調査が不可欠である。本シンポジウムでは効率的かつ非侵襲的に広範な時空間情報を取得できる環境 DNA 技術を進化学分野へ応用した最新事例を紹介し、急速に発展する本技術を今後どのように用いて進化機構の解明につなげるか、展望と課題を議論する。

講演順と時間割

- | | | |
|---------------------|-------|-----------------------|
| 9 時 30 分～ 9 時 50 分 | S11-1 | 荒木 仁志（北海道大学大学院 農学研究院） |
| 9 時 50 分～10 時 15 分 | S11-2 | 白石 健太（北海道大学 農学院） |
| 10 時 15 分～10 時 40 分 | S11-3 | 渡辺 勝敏（京都大学 大学院理学研究科） |
| 10 時 40 分～11 時 05 分 | S11-4 | 内井 喜美子（大阪大谷大学 薬学部） |
| 11 時 05 分～11 時 30 分 | S11-5 | 鶴井 香織（琉球大学 農学部） |

S12：ホモ・サピエンスの認知能力の進化

日時：2026年8月21日（金曜日）9時30分～11時30分

会場：D会場

企画代表者：河田雅圭（東北大学・教養教育院）

太田博樹（東京大学・大学院理学系研究科）

言語：日本語

ホモ・サピエンスは、大脳を拡大し、ヒト特有の認知能力を進化させてきた。その結果、「現代的な人間行動」とよばれる言語、芸術、宗教、向社会的行動、複雑な技術を作り出す能力などを獲得した。この「現代的な人間行動」を可能にする認知能力とはどのようなもので、いつごろ進化させてきたのか。また、ホモ・サピエンスの認知能力はネアンデルタール人と異なるのか。これらの問題について議論するためには、考古学的な資料、ゲノム配列をもとにした人類の進化、ゲノム進化から明らかになる脳・神経学的な機能、ヒトと他の動物の比較心理学などをもとに総合的に議論することが必要である。本シンポジウムでは、これらの問題について、人類学、ゲノム進化、脳神経科学、心理学などの分野から総合的に議論する。

講演順と時間割

- | | | |
|---------------|-------|----------------------------------|
| 9時30分～9時50分 | S12-1 | 河田雅圭（東北大学・教養教育院） |
| 9時50分～10時10分 | S12-2 | 太田博樹（東京大学・大学院理学系研究科） |
| 10時10分～10時30分 | S12-3 | 鈴木郁夫（大阪大学・大学院生命機能研究科） |
| 10時30分～10時50分 | S12-4 | 井上 詞貴
（京都大学・高等研究院ヒト生物学高等研究拠点） |
| 10時50分～11時10分 | S12-5 | 岡ノ谷一夫（帝京大学・先端総合研究機構） |
| 11時10分～11時20分 | コメント | 松前ひろみ（東海大学・医学部） |
| 11時20分～11時30分 | | 総合討論 |

S13 : 進化アセンブリ学 × 進化可能性変動史

学術変革領域「進化情報アセンブリによる生命機能の創出原理」と「進化可能性変動史」
との共催

日時：2026 年 8 月 21 日（金曜日）9 時 30 分～11 時 30 分

会場：A 会場

企画代表者：鈴木誉保（順天堂大学 大学院医学研究科）

平沢達矢（東京大学 大学院理学系研究科 地球惑星科学専攻）

言語：日本語

生命進化は、何を作り出しているのか。そして、その可能性はいかに変動してきたのか。本シンポジウムは、学術変革領域「進化情報アセンブリによる生命機能の創出原理」と「進化可能性変動史」の共催により、生命機能を構成要素の組み合わせ＝アセンブリとして捉える視点と、進化可能性の変動を歴史的に検出・定量する視点の接続を図る。分子・発生・形態・生態・理論を横断し、進化の制約、可能性、方向性をめぐる問いを持ち寄り、参加者のみなさんと議論したい。

講演順と時間割

9 時 30 分～ 9 時 50 分	S13-1	平沢達矢（東京大学）
9 時 50 分～10 時 10 分	S13-2	東山大毅（総合研究大学院大学）
10 時 10 分～10 時 30 分	S13-3	安藤俊哉（東北大学）
10 時 30 分～10 時 50 分	S13-4	古池美彦（分子科学研究所）
10 時 50 分～11 時 10 分	S13-5	上坂将弘（東北大学）
11 時 10 分～11 時 30 分	S13-6	鈴木誉保（順天堂大学）

シンポジウム発表一覧

S1-1 Glocal photobiology research in primates

霊長類を対象とした光グローバル研究

今井啓雄 京都大・ヒト行動進化研究所

S1-2 Direct photoreception in the pituitary inducing a novel local endocrine mechanism

メダカ脳下垂体の光受容現象からみえた新しい光ローカルな内分泌メカニズム

福田彩華 1, 佐藤恵太 2, 神田真司 3 1 自然科学研究機構・基生研、2 岡山大・学術研究院医歯薬学域、3 東京大・大気海洋研

S1-3 Microbial Rhodopsins Expand the Biology of Light Use

微生物型ロドプシンが拡張する生命の光利用システム

○吉澤晋 東大・大海研

S1-4 Exploring Global Photobiology through Photosymbiosis and Light-Regulated Physiology in Acoels and Flatworms

珍無腸動物・扁形動物の光共生と生体制御から探るグローバル光バイオロジー

○濱田麻友子 岡山大・臨海

S1-5 The origin of animal photoreception: Expanding glocal photobiology

動物の光受容システムの起源：光グローバル研究の広がり

小柳光正 大阪公大・院理

S2-1 A brief overview of horizontal transposon transfer

トランスポゾン水平伝播の謎

大島一彦 長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部

S2-2 Troyka: a distinct superfamily of LTR retrotransposons only found in aquatic animals

Troyka: 水棲動物のみに分布する新規 LTR レトロトランスポゾンスーパーファミリー

Kenji K. Kojima^{1,2} 1 Genetic Information Research Institute, 2 University of Arizona

S2-3 Bridging comparative genomics and experiment: tracking retrotransposon mobilization by reporter systems

ゲノム解析から実験へ：レトロトランスポゾン転移の再現系構築

○北尾晃一 1, 天野翔太 1, 大島一彦 2, 三好知一郎 1 1 理研・IMS, 2 長浜バイオ大・バイオサイエンス

S2-4 Eukaryotic genome evolution driven by virus-to-host horizontal gene transfer

ウイルスから宿主への遺伝子水平伝播が駆動する真核生物ゲノムの進化
緒方博之, ○Hongda Zhao, Lingjie Meng, Ruixuan Zhang 京大・化研

S2-5 Giant virus evolution driven by virus-to-virus horizontal gene transfer

ウイルス間の遺伝子水平伝播が駆動する巨大ウイルスの進化
疋田弘之 1 1 JIHS・感染研

S2-6 Horizontal gene transfer mediated by extracellular vesicles (EVs)

Extracellular Vesicles (EVs) を介した遺伝子水平伝搬
小野竜一 1 1 国立衛研・毒性部

S3-1 Developmental instability shaping ecological and evolutionary dynamics

発生のゆらぎが形づくる生態と進化のダイナミクス
高橋佑磨 1 1 千葉大・院理

S3-2 Gene regulatory networks align transcriptional responses to genetic and non-genetic perturbations

遺伝的・非遺伝的な発現量変化の方向を揃える遺伝子調節ネットワーク
○津留三良 東大・院理

S3-3 How minority individuals reshape collective behavior

集団行動を変える「少数派」のしくみ
○横井佐織 北大・院薬

S3-4 Developmental Fluctuations as a Window into the Potential and Constraints of Morphological Evolution

発生のゆらぎから読み解く形態の進化可能性と制約
○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

S3-5 Beyond errors: Phenotypic stochasticity as a fuel of adaptive evolution
適応進化における表現型ゆらぎの役割

○石郷岡 潤, Luisa F. Pallares Friedrich Miescher Laboratory of the Max Planck Society

S4-1 How do organisms adapt to new environments?

生物はどのようにして新規環境への進出を可能にしたのか

○平松楓佳 1 1 東大・新領域

S4-2 Exploring genetic convergence associated with polar colonization in teleost fishes

真骨魚類の極域進出に伴う遺伝的収斂の探索

○西口智也 1, 福島健児 1, 石川麻乃 2 1 遺伝研, 2 東大・院新領域

S4-3 Parallel gene loss in underground beetles

地下性甲虫にみられる遺伝子の平行的な消失

○丹伊田拓磨 1, 芦田久 2, 越川滋行 3 1 国立遺伝学研究所, 2 近畿大学生物理工学部, 3 北大院地球環境, 北大院環境科学

S4-4 Evolutionary history of *Epimedium* and insights into salt tolerance in *E. trifoliolatum* subsp. *maritimum*

イカリソウ属の進化史から探るシオミイカリソウの耐塩性の獲得

○Puspadewi Adiseputra 1, 草竹恵実 1、友國秀斗 1、高山浩司 2、三村真紀子 1 1 岡大・院環境生命自然, 2 東立大・院理

S4-5 Urban Adaptation of a Predator: Insights from *Hebius vibakari vibakari*

都市に進出した捕食者の適応戦略：ヒバカリの事例

○高麗泰矢 1, 児島庸介 2 1 東邦大・院理, 2 東邦大・理生

S4-6 Marine Transition in Gerromorpha: Insights from Early-Stage Transition and Convergent Evolution

進出初期と収斂進化から探る、アメンボ類の海洋進出

○朝鍋遥 1, 佐藤光彦 2, Po-Wei Hsu 3, 土畑重人 1 1 東大院・総合文化, 2 かずさ DNA 研究所, 3 Texas A&M Univ., Dept. Entomol.

S5-1 Crustacean Genome Diversity and Complexity: Potential for Evolutionary Genomics

甲殻類ゲノムの多様性と複雑性：進化ゲノミクスへの課題と可能性

○佐藤大気 筑波大・生命環境

S5-2 Exploring the molecular basis of arthropod land adaptation

節足動物における陸上適応の分子基盤の探索

○乾直人 1, 西口智也 1, 豊田 敦 1, 福島健児 1 1 遺伝研

S5-3 Panning for Genomic Gold through Comparative Genomics

比較ゲノミクスで「砂金」をふるい出す

○川戸智 1 1 海洋大

S5-4 Identification of Host Sexual Trait Manipulation Factors in Crustaceans Parasitized by Rhizocephalan Barnacles

寄生性甲殻類フクロムシによる宿主甲殻類の性形質操作因子の探索

豊田賢治 広島大・統合生命, 神奈川大・総研研, 東京理科大・先進理工

S6-1 How ecological adaptation and hybridization shape macroevolutionary diversification in sticklebacks

トゲウオにおける生態適応と遺伝子流動がもたらすマクロ進化パターン

北野潤 遺伝研・生態遺伝

S6-2 Phenotypic complexity makes the molecular basis of evolutionary convergence predictable

[日本語タイトル記載なし]

○Daohan Jiang¹, Matt Pennell², Lauren Sallan¹ ¹Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, ²Cornell University

S6-3 Evolvability of Animal Body Plans: Constraints and Open Challenges

動物ボディプランの進化可能性とその理解に向けた課題

入江直樹 総研大・進化セ

S6-4 Fluid approximation of species groups' adaptive evolution: a theoretical basis for connecting biogeography, paleontology, and morphological/molecular phylogenetics

種群の適応進化の流体近似: 生物地理学、古生物学、および形態/分子系統学を連結するための理論的基盤

○Hiroshi C. Ito¹, Akira Sasaki^{1,2} ¹SOKENDAI・RCIES, ²IIASA・EEP

S6-5 When microevolutionary mechanisms become macroevolutionary patterns: ecology, development, and disruption

[日本語タイトル記載なし]

Lauren Sallan ¹Okinawa Institute of Science and Technology

S7-1 Evolution of double fertilization regulation in angiosperms through egg-cell extracellular structures

卵細胞外構造から考える被子植物の重複受精制御の進化

○須崎大地^{1,2}, 御調日向子², 永原史織³, 後藤友美⁴, 若崎眞由美⁴, 大井崇生⁵, 武内 秀憲⁶, 佐藤繭子⁴, 豊岡公德⁴, 柿崎博美⁷, 杉直也^{2,8}, 吉村有², 殿崎薫², 木下 哲², 丸山 大輔² ¹静大・院総科技, ²横市大・木原生研, ³京大・院理, ⁴理研・CSRS, ⁵高知工大・理工, ⁶東大・院総文, ⁷龍谷

大・発酵研, 8 筑波大・生命環境

S7-2 Molecular mechanisms underlying matrotrophic sporophyte development in the moss *Physcomitrium patens*

コケ植物ヒメツリガネゴケにおける母体栄養による孢子体発生の分子機構

養老 瑛美子 1, 2, 磯田 玲華 3, 川出 健介 4, 中村 匡良 3, 4, 榊原恵子 1 1 立教大・理, 2 阪大・院理, 3 名大・WPI-ITbM, 4 埼玉大・院理工

S7-3 Morphology and Evolution of Multibranched Cells Supporting Flood Adaptation in Rice

イネの冠水適応を支える多腕細胞の形態と進化

永井啓祐 1 1 名大・生物セ

S7-4 [英語タイトル記載なし]

植物-寄生植物-昆虫-共生細菌の“超入れ子型共生系”から紐解く虫こぶ形成機構

土`田 努 富山大学・学術研究部理工学系

S8-1 Why Are Sex Determination Systems So Diverse in Anurans? – Evolution of Sex-Determining Genes and Sex Chromosomes –

なぜ無尾両生類における性決定システムは多様なのか? — 性決定遺伝子と性染色体の進化 —

林舜 広島大・両生類研セ

S8-2 Evolution of Sex and Species in *Oryzias javanicus*: From Sex Chromosome Turnover to Reproductive Isolation

ジャワメダカから探る「性」と「種」の進化: 性染色体転換から生殖隔離まで
竹花佑介 熊大・院先端科学

S8-3 Adaptive radiation of Lake Victoria cichlids facilitated by large-scale ancient standing genetic variation

大規模な祖先多型が駆動するヴィクトリア湖シクリッドの適応放散

○中村遥奈 1, 相原光人 2, 二階堂雅人 3 1 総研大・RCIES, 2 東京科学大・生命理工

S8-4 A theory of speciation driven by the interplay of sexual selection and hybridization

性選択と交雑の協働作用が導く種分化の理論

香川幸太郎 国立遺伝学研究所

S8-5 Reproductive interference, species diversity, and maintenance of sex

繁殖干渉がつなぐ性と種と多様性
鈴木紀之 1 三重大

S8-6 Why Do Sex and Species Continue to Evolve?_ Evolutionary Dynamics
Driven by Intergenic and Intergenomic Conflict and Selfish DNA

「性」と「種」はなぜ進化し続けるのか?—遺伝子間・ゲノム間闘争・利己的
DNA が駆動する進化ダイナミクス—
伊藤道彦 北里大・理

S09-1 Evolution of Vertebrate Muscles Revealed by Comparative Developmental
Biology

比較発生学から探る脊椎動物の筋形成プログラムの進化
日下部りえ 関西大・化学生命工

S09-2 Identification and functional analysis of an evolutionarily conserved
scleraxis enhancer regulating tendon and ligament development

腱・靱帯形成を制御する進化的に保存された scleraxis エンハンサーの同定と
機能解析
山家新勢 1, 隅山健太 2, 宿南知佐 1 1 広島大学・大学院医系科学研究科・生
体分子機能学, 2 名古屋大学・大学院生命農学研究科・動物遺伝育種学

S09-3 Evolutionary emergence of jaw-specific sox9 enhancers and insights
into vertebrate jaw acquisition

sox9 シス調節エレメントから探る脊椎動物の顎形成制御機構の進化
○鈴木崇生 1,2, Nusrat Hossain³, 井川武 1,2, 鈴木誠 1,2, 鈴木菜花 2, 日
下部りえ 4, 荻野肇 1,2 1 広島大・院・統合生命, 2 広島大・両生研,
3 Cedars-Sinai Guerin Children's, 4 関西大・化学生命工

S09-4 A conserved developmental mechanism for positional specification of
skeletal muscle attachment sites in vertebrates

脊椎動物に保存された骨格筋付着部位の位置決定機構
武智正樹 東京科学大・院医歯学総合

S09-5 Facial expression muscle development by inter-pharyngeal arch
interactions

咽頭間相互作用による表情筋発生
○足立礼孝 岩手医大・解剖

S09-6 Introduction: Developmental Programs Underlying Vertebrate
Morphological Evolution

「ゲノム文脈」再構成による形態進化とエンハンサー進化の原理解明を目指して

○隅山健太 1、田邊彰 1、中西晶子 1、松本爽花 1 1 名大・院生命農

S10-1 Exploring the genomic region underlying island adaptation in *Prosopocoilus hachijoensis*

ハチジョウノコギリクワガタの島嶼適応を支えるゲノム領域の探索

○岸野紘大 1、岡田随象 2, 3、後藤寛貴 4、白髭克彦 5, 6、藤木克則 5、鄭慧子 5、岡田泰和 1 1 名大・院理、2 東大・院医、3 理研・IMS、4 静大・理、5 東大・定量研、6 カロリンスカ研・CMB

S10-2 The diversification of caudal fin rays and searching for their causative gene in the three-spined sticklebacks

イトヨにおける尾びれ鰭条の多様化と原因遺伝子の探索

○玉井滉基 1、山崎遥 2、小北智之 3、森誠一 4、北野潤 5、石川麻乃 1 1 東大・院新領域、2 筑波大・生命環境、3 九大・院農、4 岐協大・創生研、(5) 遺伝研・生態遺伝

S10-3 Intraspecific genome size variation driven by transposable element accumulation in the weevil genus *Catapionus*

転移因子の蓄積が駆動するゲノムサイズ種内変異：食植性昆虫ヒョウタンゾウムシ属をモデルとして

○村上翔大 1 2、Po-Wei Hsu 3、土畑重人 1 1 東大・総合文化、2 かずさ DNA 研、3 Dep. Entomol., Texas A&M Univ.

S10-4 Plant adaptation genomics at the limits of life in highly acidic fumarole fields

生態ゲノミクスによる硫気孔原植物ヤマタヌキランの強酸性土壌適応機構の解明

長澤耕樹 1、内藤健 1、瀬戸口浩彰 2、阪口翔太 3 1: 農研機構、2: 京大院・人環、3: 京大院・農

S10-5 Population genomic analysis of the evolution of self-compatibility in Japanese *Arabidopsis halleri*

集団ゲノム解析から探る日本産ハクサンハタザオの自家和合性進化

須田峻 1、Mathieu Genete 2、Adrián Contreras-Garrido 2、土金 勇樹 1、久保田涉誠 3、森長真一 4、赫英紅 5、石川直子 5、陶山佳久 5、Xavier Vekemans 2、Sylvain Billiard 2、Vincent Gastrique 2、土松隆志 1 1 東大・院理、2 Univ. Lille、3. エネオス、4 帝京科学大・生命環境、5 東北大・院農

S11-1 How far can eDNA go? Exploring its potential in evolutionary biology

どこまで出来る？ 環境 DNA x 進化学研究

荒木仁志 北大院農

- S11-2 A Phylogeographic Study of *Cottus nozawae* and *C. amblystomopsis* Using Environmental DNA
 環境 DNA 手法を用いたハナカジカとエゾハナカジカの系統地理学的研究
 ○白石健太 1, 神戸崇 2, 井上頌子 3, 坂田雅之 4, 荒木仁志 5 1 北海道大・農学院, 2 北海道大・農学研究院, 3 北海道大・農学研究院, 4 北海道大・農学研究院, 5 北海道大・農学研究院
- S11-3 eDNA Phylogeography: achievements and future directions
 環境 DNA を用いた系統地理研究：到達点と展望
 辻冨月 1, ○渡辺勝敏 2 1 京大・院情報, 2 京大・院理
- S11-4 Large-scale analysis of population genetic structure using environmental DNA haplotyping enables inference of range expansion history
 環境 DNA ハプロタイピングによる外来種の広域遺伝構造解析と拡散経路推定
 ○内井喜美子 大阪大谷大・薬
- S11-5 Detection of functionally polymorphic region of opsin LWS-1 gene of guppy using environmental DNA analysis
 環境 DNA に基づく核遺伝子の分析：グッピーのオプシン遺伝子LWS-1 多型の検出
 鶴井香織 1, 佐藤行人 2, 勝部尚隆 1, 立田晴記 3, 辻 和希 1 1 琉大・農, 2 琉大・医, 3 九大・院理,
- S12-1 What cognitive functions did humans evolve, and around when did they evolve them?
 ヒトはどのような認知機能をいつごろ進化させたのか
 河田雅圭 東北大・教養教育院
- S12-2 How Paleogenomics Has Reframed the “Cognitive Revolution” Narrative
 古代ゲノム研究が「認知革命」という言説に与えた影響に関する考察
 太田 博樹 東京大・院理
- S12-3 Decoding the genetic architecture that sustains human-specific cerebral cortex development
 ヒト独自の脳皮質発生プログラムを支える遺伝メカニズム
 ○鈴木郁夫 1、Xuanhao D. Sheu1 1 阪大・院生命機能
- S12-4 Massively Parallel Functional Identification of Cis-Regulatory Variants Underlying Human Evolution

ヒト進化を担うシス制御変異の網羅的同定
井上詞貴 京都大学・ASHBi

S12-5 Music and Language: How Human Specific Properties Emerged?

言語と音楽：人間の特異性はどう発生したのか
岡ノ谷一夫 1 帝京大学・先端総合研究機構

S13-1 Evolvability dynamics in the vertebrate morphological evolution

脊椎動物形態進化における進化可能性変動
○平沢達矢 1 1 東大・院理

S13-2 Developmental Trajectory Divide Underlying Drastic Facial Evolution

顔面の劇的な形態進化を生んだ発生トラジェクトリーの分水嶺
○東山大毅 1 1 総研大・RCIES

S13-3 [英語タイトル記載なし]

動物の色彩平行進化から考える進化可能性
安藤俊哉 1、安齋賢 2 1 東北大・院生命, 3 岡山大・院環境生命

S13-4 Structural Evolution of Clock Protein KaiC Reflecting Ancient Earth's Rhythm

古代地球のリズムに呼応した時計タンパク質 KaiC の構造進化
古池美彦 1, 2 1 自然科学研究機構分子科学研究所, 2 総合研究大学院大学

S13-5 Gene-regulatory basis of forelimb morphological diversity in birds explored through cross-species deep-learning prediction

深層学習を用いた多種比較から迫る鳥類前肢における形態多様性の遺伝子制御基盤
上坂将弘 1 1 東北大・生命

S13-6 Evolution of Multi-Component Systems: From Macroevolutionary Processes to Macroevolutionary Pathways

多要素システムの進化を描く：マクロ進化プロセスからマクロ進化パスウェイへ
○鈴木誉保 順大・医

一般口頭発表一覧

0_A20-1 An Origin of Japanese Chestnut

〔日本語タイトル記載なし〕

○Chih-Cheng Chien, Naito Ken National Agriculture and Food Research Organization

0_A20-2 Genome-wide analyses reveal the evolutionary history and reticulate diversification of Japanese wild cherries

全ゲノム解析による日本産サクラの進化史の解明—種分化・遺伝子浸透・栽培化—

○藤原一道 1, 豊田敦 2, 勝木俊雄 3, 佐藤豊 4, サクラ 100 ゲノムコンソーシアム, 小出剛 1 1 遺伝研・マウス開発, 2 遺伝研・比較ゲノム解析, 3 森林総研・九州支所, 4 遺伝研・植物遺伝

0_A20-3 DNA Barcoding of Land Snails in the Tokai Region, Japan

東海地域に生息する陸産貝類の DNA バーコーディング

○横井敦史 1, 川瀬基弘 2, 西尾和久 3, 熊澤慶伯 1 1 名古屋市大・院理, 2 愛み大, 3 IFF 東海

0_A20-4 Reproductive isolation facilitated by hybridization: Evidence from a land snail, *Euhadra peliomphala* species complex

交雑で形成される生殖隔離：陸産貝類 *ミスジマイマイ* 種群の事例

石井康人 1・千葉聡 2・北野潤 3・伊藤舜 4 1 総合研究大学院大学 先端学術院, 2 東北大学 東北アジア研究センター, 3 国立遺伝学研究所, 4 静岡大学 学術院理学領域

0_A20-5 Lineage divergence and genetic diversity in hadal snailfishes from the Kuril and Japan Trenches

千島海溝・日本海溝に生息する超深海性クサウオ科魚類の系統分化と遺伝的多様性

○亀井遥香 1, 小島茂明 1 1 東大・大海研

0_A20-6 Population genomics in Japanese yellowtail (*Seriola quinqueradiata*): Detection of natural selection

ブリ (*Seriola quinqueradiata*) の集団ゲノミクス：自然選択の検出

○西山久美子 1, 内野翼 1, 宅野将平 1, 山本一毅 1, 中村洋路 2, 安池元重 2, 中本正俊 3, 川戸智 4, 坂本崇 4, 菅谷琢磨 1 1 水産機構技術研, 2 水産

機構資源研, 3Umios Fish Lab 株式会社, 4 東京海洋大学・学術研究院

0_A20-7 Beyond conserved markers: enhancing deep node resolution via rigorous orthology filtering of 900 protein domains

[日本語タイトル記載なし]

○Lina Uematsu¹, Christopher J. Kay¹, Davide Pisani¹, Philip C. J. Donoghue¹ ¹University of Bristol

0_A20-8 Development and diet jointly shape gut microbiome stability: Insights from energy landscape analysis of Japanese brown frog larvae

[日本語タイトル記載なし]

宇田駿介¹, ○長谷和子^{1,2,3}, 鈴木健大^{4,5}, 千葉聡^{1,2} ¹東北大・院生命, ²東北大・東北アジア, ³京大・院地球環境, ⁴理研・BRC, ⁵横国大・IMS

0_A20-9 Metagenomic analysis reveals relationship between nudibranchs and intragastric mycoplasma

メタゲノム解析からウミウシ類と胃内マイコプラズマの関係性を探る

○山田優佳¹, 五條堀淳², 寺井洋平² ¹総研大・先導研, ²総研大・進化センター

0_A20-10 A Whole-Genome Sequencing Method for Type Specimens and Its Applications in Taxonomy

タイプ標本からのゲノムシーケンス手法の開発と分類学への応用

○河野美恵子¹, 大村嘉人², 寺井洋平¹ ¹総研大・統合進化, ²科博・植物

0_B20-1 Adaptive introgression and the origin of dog starch digestion

適応的な遺伝子浸透によるイヌのデンプン消化能力の起源

○岡田莉奈¹, 五條堀淳², 寺井洋平² ¹: 総研大・統合進化, ²: 総研大・進化センター

0_B20-2 Evolutionary diversification of duplicated TRPV4 genes as putative osmotic and thermal receptors in salmonids

サケ科のゲノム重複に起因した浸透圧・温度受容体候補遺伝子TRPV4の機能分化

○小西吟知¹, 齋藤くれあ², 齋藤茂^{1,2} ¹長浜バイオ大・院・バイオサイエンス, ²長浜バイオ大・アニマルバイオ

0_B20-3 Alteration of mucosal immune responses is a key factor for

hypertrophied lips in cichlids

東アフリカシクリッドにおける唇肥大化の平行進化は粘膜免疫の変化によって獲得された

○畑島 諒¹, 二階堂雅人¹ ¹ 東京科学大・生命理工

- 0_B20-4 Convergent evolution of chemosensory receptor gene repertoires in Pinnipedia and Lutrinae, two carnivoran lineages independently adapted to an aquatic environment

独立に水生適応した鰭脚類とカワウソ亜科の化学感覚受容体遺伝子レパートリーの収斂進化

○江川 蒨山¹、新村 芳人^{1,2} ¹ 宮崎大・医学獣医学総合研究科, ² 宮崎大・農学部獣医学科

- 0_B20-5 Identification of “anomalous” trichromats in neolithic humans supporting ancient prevalence of human color vision diversity

[日本語タイトル記載なし]

○Yizhen Wang¹, Yuka Matsushita¹, Kae Koganebuchi², Yusuke Watanabe², Yoshiki Wakiyama², Hiroki Oota², Amanda D. Melin³, Shoji Kawamura¹ ¹Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, ²Department of Bioscience, Graduate School of Science, The University of Tokyo, ³Department of Anthropology and Archaeology, University of Calgary, Canada

- 0_B20-6 Population Genomic Elucidation of the Origin and Dispersal History of Japanese Native Chickens

集団ゲノム解析に基づく日本鶏の起源と伝播史の解明

○藤原 篤弥¹, 田中 啓介², 加藤 正暉³, 中村 隼明¹, 高田 勝⁴, 遠藤 秀紀⁵, 山本 義雄¹, 西堀 正英¹, 呉 佳斎¹, 米澤 隆弘¹ ¹ 広大・院統合生命, ² 東京情報大・院総合情報, ³ 東京農工大・院農, ⁴ 農業生産法人有限会社 今帰仁アグー, ⁵ 東京大学総合研究博物館

- 0_B20-7 Influence of Japanese Wolf Introgression on the Traits of Japanese Dogs

日本犬の形質へのニホンオオカミゲノムの影響

○松本 藍¹, 寺井 洋平², 松崎 哲也³, 西田 巖⁴ ¹ 総研大・統合進化, ² 総研大・進化センター, ³ 奥松島縄文村歴史資料館, ⁴ 佐賀市文化財課

- 0_B20-8 Evidence of population-specific positive selection in the human CYP1A2 gene in Peruvians.

[日本語タイトル記載なし]

○知久彩楓 1, 五條堀淳 1, 2, 颯田葉子 1, 2 1 総研大・先導研, 2 総研大・統合進化

0_B20-9 The evolution of chronotype in modern humans

現生人類におけるクロノタイプの進化

○濱元祥子 1、森谷悠香 1、藤戸尚子 2、樋口重和 3、手島康介 4、早川敏之 5 1 九州大・院システム生命科学、2 新潟大・脳研究所、3 九州大・芸工、4 九州大・理、5 九州大・基

0_B20-10 Evolutionary considerations of a Neanderthal-specific variant region in an energy metabolism-related gene

ネアンデルタール人特有変異からみるエネルギー代謝関連遺伝子領域の進化的考察

○奥大河 1, 五條堀淳 2 1 総研大・統合進化, 2 総研大統合進化科学研究センター

0_G20-1 The molecular basis of hybrid male lethality resulting from Backcrossing between *Lymantria dispar* and its close relative, *Lymantria umbrosa*

マイマイガと近縁種エゾマイマイの戻し交配による雑種雄致死の分子基盤

○石田響子 1, Hannah Okada Akhlaghi 1, 2, 井上真紀 3, 奥出絃太 1, 鈴木雅京 1 1 東大・院新領域, 2 University of British Columbia, 3 農工大・院農

0_G20-2 Speciation history and genome size variation associated with host switching in two Myrmecophilous Rove Beetle species in the genus *Homoeusa*

好蟻性ハネカクシ *Homoeusa* 属 2 種における寄主転換に関連した種分化史とゲノムサイズ変異

○野崎翼 1, 長太伸章 2, 丸山宗利 3 1 九大・比文, 2 国科博, 3 九大博

0_G20-3 Visual information dependent nectar foraging strategies in a flower visiting fly

訪花性ショウジョウバエにおける視覚情報依存的な蜜源探索戦略

山崎遥 1○、林優人 2、桂宗広 2、石川由希 1 1 筑波大・生命環境系, 2 名古屋大・院生命理

0_G20-4 Plasticity between and within generation in feeding traits in the larvae of the two *Papilio* butterflies

アゲハチョウ属の幼虫における世代間・世代内の可塑性の進化

○仁平岳登 1, 鈴木紀之 1 1 三重大・生物資源

0_G20-5 Comparative Genomics of Trematodes with Reproductive Division of Labor.

繁殖分業を行う二生吸虫の比較ゲノム解析

○岡村海翔 1, 三浦健太郎 2, 豊田敦 3, 三浦収 4, 櫻井哲也 4 1 高知大・院総合人間自然, 2 北海道大・院水産, 3 遺伝研, 4 高知大・農林海洋

0_G20-6 Fixation Time Distribution under Neutral and Weak Selection Conditions

中立および弱選択条件下における突然変異の固定待ち時間分布

○入江祐真 1, 山口諒 2 1 北海道大学理学部物理学科, 2 北海道大学大学院先端生命科学研究院

0_G20-7 How changing additive genetic variance shapes the potential for evolutionary rescue and trait divergence

相加的遺伝分散の変動を考慮した進化的救助の可能性と形質分化

○大村颯 1, 山口諒 2 1 北大・大学院生命科学院、2 北大・大学院先端生命科学研究院

0_G20-8 A Cultural Evolutionary Simulation of Costly Behavior in Relation to Dominance and Prestige as Forms of Social Status

ドミナンスとプレステイジの社会的地位に基づくコストのかかる行動の文化進化シミュレーション

○増田暁 1, 田村光平 1 1 東北大・院環境科学

0_G20-9 Darwinian evolution of an RNA replicator in liquid-liquid phase-separated droplets

液-液相分離液滴における RNA 複製体のダーウィン進化

○割谷壮 1, 市橋伯一 2, 水内良 1 1 早大・理工, 2 東大・総合文化

0_D20-1 Identification of unique repeat sequences and candidate gene sequences on B chromosome in *Atractylodes lancea*

ホソバオケラの B 染色体が持つ特異的反復配列と遺伝子候補配列の探索

○原一矢 1, 富田武志 2, 山路弘樹 2, 白澤健太 3, 菊池真司 1 1 千葉大・院園芸, 2 (株) ツムラ, 3 かずさ DNA 研

0_D20-2 Rhythmic shifts in homeolog expression bias underlying the adaptation to tidal cycles in the marsh plant, *Cardamine scutata*

オオバタネツケバナの潮汐適応を支えるサブゲノムの周期的使い分け

○横溝 匠 1, 湯本 原樹 1, 2, 吉岡 俊輔 3, 清水 (稲継) 理恵 3, 清水 健太郎 3, 4, 工藤 洋 1 1 京大・生態研セ, 2 信大・山岳研, 3 チューリッヒ

大・理, 4 横浜市大・木原研

0_D20-3 Globin genes of sharks and rays: evolutionary insights from gene expression profiling

軟骨魚類グロビンの多様性：ヘモグロビン遺伝子の多重化と発現シフトの進化

○八尾晃史 1, 川口也和子 1, 工樂樹洋 1 1 遺伝研・分子生命史

0_D20-4 Dihaploid development in each chromosomal race of the Japanese allotetraploid spined loach, *Cobitis* sp. 'yamato' species complex

異質四倍体性魚類ヤマトシマドジョウ種群の各染色体種族における二倍性半数体の胚の発生能力

○岡 隼斗 1、北川忠生 2、藤本貴史 1 1 北大院水、2 近大院農

0_D20-5 Rapid chromosomal rearrangements and sex chromosome turnover underlie the evolution of parapatric Pacific Scomber mackerels

[日本語タイトル記載なし]

○Ahammad Kabir¹, Ryosuke Yazawa², Dana Marielba Silva³, Jorge M. O. Fernandes³, Masaomi Hamasaki⁴, Sota Yoshikawa⁴, Hiroaki Suetake⁵, Kiyoshi Kikuchi¹, Sho Hosoya¹ 1 Univ. of Tokyo, 2 TUMST, 3 Institut de Ciències del Mar, 4 Nagasaki Pref. Institute of Fisheries, 5 Fukui Pref. Univ.

0_D20-6 Swallows' tail explains speciation rate

種分化を促すツバメ類の性選択形質

○長谷川克 奈良教育大

0_D20-7 Heterochrony and modularity of ossification sequences in amniotes

羊膜類進化における骨化タイミングの異時性とモジュラリティ

○富澤佑真 1, 森本直記 2, 3, 小藪大輔 1, 4 1 中山大・生態学院, 2 京大・院理, 3, 京大・PRIFS, 4 筑波大・PMC

0_D20-8 Genomic basis of the evolution of Müllerian mimicry color patterns in the genus *Harmonia*

Harmonia 属テントウムシにおけるミュラー型擬態斑紋進化のゲノム基盤

○野村翔太 1、荒木祥文 2、鈴木紀之 3、山崎曜 1、北野潤 1、安藤俊哉 4 1 国立遺伝学研究所、2 北海道大学地球環境科学研究所、3 三重大大学生物資源学研究科、4. 東北大学生命科学研究科

0_D20-9 Cis-regulatory evolution underlying color pattern divergence in the ladybird beetle, *Harmonia axyridis*

ナミテントウの色彩パターン分化をもたらしたシス制御進化
○Yuji Matsuoka¹, Toshiya Ando¹, Shinichi Morita^{2,3}, Teruyuki Niimi^{2,3} 1. 東北大・院生命、2. 基生研、3. 総研大

0_D20-10 Analysis of the molecular mechanisms underlying heterochrony in the one-leaf plant *Monophyllaea* using single-nucleus RNA sequencing
シングル核 RNA シーケンスによる一葉植物モノフィレアの異時性を制御する分子機構の解析
○中村駿志、古賀皓之、塚谷裕一 東京大・院理

0_A21-1 CpG loss in a plasticity-regulating region drives genetic assimilation in plasticity-led evolution of medaka gut length
可塑性制御領域の CpG 消失がメダカ腸長の可塑性主導進化における遺伝的同化を駆動する
○勝村啓史¹, 佐藤克², 山下佳那², 尾田正二³, 覚張隆史⁴, 田中翔大², 藤谷和子⁵, 西槇俊之⁵, 今井正⁶, 吉浦康寿⁷, 武島弘彦⁸, 橋口康之⁹, 関田洋一¹⁰, 三谷啓志³, 小川元之⁵, 竹内秀明¹¹, 太田博樹¹² 1 九大・院芸工, 2 北里大・理, 3 東大・院新領域, 4 金沢大・古代文明文化資源研, 5 北里大・医, 6 水産機構・水技研, 7 福井県大・海洋生物資源, 8 福井県里山里海湖研, 9 大阪医薬大・医, 10 北里大・院理, 11 東北大・院生命科学, 12 東大・院理

0_A21-2 Genome Analysis Using Unsupervised Explainable AI: Investigation of the Mutational Mechanisms Generating Skews Between Complementary Oligonucleotide Pairs
教師なし説明可能型 AI によるゲノム解析：相補的 oligonucleotide 対間の skew を生む進化機構の研究
○池村淑道^{1,2}, 岩崎裕貴¹, 和田健之介¹, 和田佳子¹, 阿部貴志³ 1 長浜バイオ大・バイオサイエンス, 2 (公財) 遺伝学普及会・シニア科学アカデミー, 3 新潟大 自然科学研究科

0_A21-3 High-throughput detection of adaptive differentiation variants within a species
種内適応分化変異大量検出による適応進化素過程の 1 アミノ酸分解能での解析
○小林一三^{1,2,3}, 西出浩世¹, 内山郁夫¹, 福世真樹⁴, 長田直樹⁵ 1 基生研・ゲノム情報, 2 法政大学・マイクロナノ, 3 東大・メディカル情報生命, 4 千葉大・医, 5 北大・情報

0_A21-4 Coalescent Distortion Index: Reference-Based Detection of Uniparental Disomy from a Single Genome

Coalescent Distortion Index による片親性ダイソミーの検出
三澤計治 1, 2 1 横浜市立大・データサイエンス学部, 2 理研 AIP

0_A21-5 Mutational activation of human YKL-39 reveals evolutionary retention after the loss of chitinase activity

ヒト YKL-39 の変異活性化が示すキチナーゼ活性喪失後の進化的保持

○鈴木溪太, 金泉智貴, 榎本悠那, 佐藤恭香, 大川一明, 田畑絵理, 坂口政吉, 小山文隆 工学院大・先進工・生命化学

0_A21-6 Evolution of biological clock -A conserved oscillator and kingdom-specific transcriptional output system-

生物時計の進化学 -保存された振動体と生物界特異的な転写出力装置-

金 尚宏 量子科学技術研究開発機構・量子生命科学研究所・生物時計チーム

0_A21-7 Splitting and Joining: Integrated Approach for Phylogenetic Inference without Multiple Sequence Alignment

Splitting and Joining: 多重配列アライメントなしで系統樹推定するための統合的アプローチ

○松井求 1 1 京大・化研

0_A21-8 Predicting gene function and phenotype through convergent evolution 収斂進化を起点とした遺伝子機能予測と表現型予測

○福島健児 1, 西口智也 1 国立遺伝学研究所

0_A21-9 Detecting Selection in Population Admixture

集団の混合における選択の検出

○岸野洋久 1, 中道礼一郎 2, Jeffrey L. Thorne³ 1 中央大・研究開発機構, 2 水産研究・教育機構, 3 ノースカロライナ州立大・統計／生物

0_A21-10 Dynamic evolution of co-opted retroviral envelope-derived genes in primates

霊長類における内在性レトロウイルス由来 env 遺伝子の宿主化と進化

北尾晃一 1, Kryukov Kirill², Jin Lihua³, 新宅勇太 4, 早川卓志 5, ○中川草 3 1 理研・生医研セ, 2 情報・システム研, 3 東海大・医、4 日本モンキーセ、5 北大・環生

0_B21-1 Evolution of a Haplotype Shared with Archaic Hominins in the Human APOBEC3 Gene Cluster Region

ヒト APOBEC3 クラスター領域における旧人共有ハプロタイプの進化

○藤戸尚子 1, Revathi Devi Sundaramoorthy⁴, 颯田葉子 2, 井ノ上逸朗 3

1 新潟大学・脳研, 2 総研大・統合進化科学研究センター, 3 遺伝研・人類遺伝, 4SRM Institute of Science and Technology, India

0_B21-2 A novel immune receptor gene acquired through introgression from archaic humans

古代人からの遺伝子流入により獲得した新規免疫受容体遺伝

○河合洋介 1, 2、平安恒幸 3、Thi Thu Thao Nguyen³、Seik-Soon Khor⁴、細道一善⁵、華山力成³、徳永勝士²、長崎正朗⁶ 1. 遺伝研・ヒト集団ゲノム, 2. 国立国際医療研究センター・ゲノム医科学, 3. 金沢大・環境スト研セ, 4. 南洋工科大学, 5. 東京薬科大・生命科学, 6. 九州大学・生医研

0_B21-3 Investigating early-onset colorectal cancer-associated driver oncogenes by molecular evolutionary analysis.

分子進化学的解析による若年者大腸がんにかかわるがんドライバー遺伝子の探索

○瀬戸陽介 1、長山聡 2、片山量平 1 1 がん研・化療・基礎、2 宇治徳洲会病院

0_B21-4 Metabolic rewiring during reductive evolution: A proline engine fuels explosive proliferation of aphid facultative symbiont

バクテリアのプロリン呼吸：アブラムシ任意共生細菌の爆増システムが示すゲノム適応

野崎友成 1, 2、Yen Chi Nguyen^{1, 2}、重信秀治 1, 2 1 基礎生物学研究所, 2 総合研究大学院大学

0_B21-5 Evolution of E-cadherin adhesion specificities and structural mechanisms in insects and related arthropods: A study based on mutational scanning and cryo-EM

昆虫および近縁節足動物における上皮カドヘリンの接着特異性の進化と構造的仕組み：網羅的変異解析とクライオ EM 解析に基づく研究

丹羽将之 1, 2、笠井一希 3, 4、津山泰一 1、劉景宣 1, 2、成田哲博 5、牧野文信 3, 4, 6、宮田知子 3, 4、難波啓一 3, 4、○小田広樹 1, 2 1JT 生命誌, 2 阪大・院理, 3 阪大・院生命機能, 4 阪大・日本電子 YOKOGUSHI, 5 名大・院理, 6 日本電子

0_B21-6 Genetic diversity and evolutionary history of *Teleogryllus emma* in Japan

日本におけるエンマコオロギの遺伝的多様性および進化史の推定

里村和浩 1、小倉淳 1 1 長浜バイオ・バイオサイエンス

0_B21-7 Experimental evolutionary study for cold tolerance and acclimation

in *Drosophila albomicans*

[日本語タイトル記載なし]

Diksha Gautam, Arisa Tsuji, Yoshitaka Ogawa, Koichiro Tamura
Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan University

0_B21-8 Various and novel molecular properties in opsins from a reef-building coral

造礁サンゴの光受容タンパク質オプシンが示す多様かつ新規な分子特性の解析

○酒井 祐輔 1、杉原 智博 1、懸山 裕希矢 1、岩崎 誠 1、小柳光正 1、寺北明久 1 1 大阪公立大・院理・生物

0_B21-9 Two-step evolution of the V1R pheromone receptor family across vertebrates

脊椎動物におけるフェロモン受容体遺伝子V1R の二段階進化

○張子聡 1, 中牟田祥子 2, 中牟田信明 2, 二階堂雅人 3 1 京大・ASHBi, 2, 岩手大・獣医, 3 科学大・生命理工

0_G21-1 Ancestral chromosome architecture and genomic environment inferred from vertebrate genome assemblies

脊椎動物ゲノムから読み解く祖先染色体構造とゲノム環境

○原雄一郎 1 1 北里大・未来工学

0_G21-2 Genome reconstruction driven by chromosome fusions

染色体融合が駆動するゲノム再構築

○吉田恒太 1 1 新潟大・脳研

0_G21-3 Telomere and centromere evolution in fused sex chromosomes of Japanese sticklebacks

イトヨの染色体融合に伴うテロメアとセントロメアの進化

山崎曜 1, 豊田敦 1, 北野潤 1 1 遺伝研

0_G21-4 SplitAligner: branch-coordinate alignment for cross-gene comparisons in comparative phylogenomics

SplitAligner: 比較系統ゲノミクスにおける遺伝子間分枝座標アラインメント

○呉 佳齊 広島大・院統合生命科学

0_G21-5 AdMAP: Integrated analysis package for spatio-temporal mapping of adaptation on admixture graph of population history

AdMAP: 集団史混交グラフによる環境適応の時空間マッピング統合解析パッ

ケージ

○中道礼一郎 1, Jeffrey L. Thorne², 岸野洋久 3 1水産機構・資源研,
2BRC, NC State Univ, 3 東大・院農

0_G21-6 Identification of candidate genes involved in the plasticity of
heat-avoidance behavior in *Buergeria japonica* tadpoles

リュウキュウカジカガエル幼生における高温忌避行動の可塑性に関与する候
補遺伝子の同定

齋藤くれあ 1、野澤昌文 2, 3、井川武 4、○齋藤 茂 1, 5 1 長浜バイオ大・ア
ニマルバイオ, 2 東京都立大・理, 3 東京都立大 生命情報セ, 4 広島大・両
生類研セ, 5 長浜バイオ大・院バイオサイエンス

0_G21-7 Role of the Heat-sensitive receptor TRPA1 in Environmental
Adaptation Revealed by TRPA1-Knockout *Xenopus tropicalis*

ネツタイツメガエル遺伝子破壊個体から解き明かす高温センサーTRPA1 の環
境適応における役割

○沖田桜羅 1、齋藤くれあ 2、齋藤茂 1, 2 1 長浜バイオ大学大学院・バイオ
サイエンス、2 長浜バイオ大学アニマルバイオサイエンス

0_G21-8 Trajectories and Historical Contingency of Antibiotic Resistance
Evolution: Charting Evolutionary Dynamics in an 8-Dimensional
Resistance Space of *Escherichia coli*

抗生物質耐性進化の軌跡と歴史依存性 : 大腸菌の 8 次元耐性能空間による
進化動態の記述

佐藤駿平 1, 芝井厚 1, 小谷葉月 1, 横井直美 1, ○古澤力 1, 2 1 理研・生
命機能, 2 東大・生物普遍性

0_G21-9 Evolution of herbicide resistance via co-option of an ethylene-
associated metabolism pathway

エチレン関連代謝経路の転用を介した除草剤抵抗性の進化

石澤日向 1, 中ノ森月菜 2, Kowit Hengphasatporn³, 西村和紗 4, 石坂眞澄
5, 秋本千春 6, 菅原まなみ 7, 遠藤真咲 6, 鈴木倫太郎 5, Danrui Su², 保
田謙太郎 8, 重田育照 3, 権藤崇裕 7, 内野彰 9, ○岩上哲史 2 1 京大・農,
2 農工大・農, 3 筑波大・計算科学研セ, 4 岡山大・農, 5 農研機構・分析
研, 6 農研機構・生物研, 7 宮崎大・フ, 8 秋田県大・アグリイノベ, 9 農研
機構・中農研

0_G21-10 Biotic Population Subdivision: species interactions as a source of
allopatry and recurrent speciation

種間相互作用が生み出す隔離と反復的な種分化

○山口諒 1, 山崎曜 2, José Said Gutiérrez-Ortega³, 松林圭 4 1 北大・

院先端生命, 2 遺伝研・生態遺伝, 3 理研・iTHEMS, 4 酪農大・環境共生

0_D21-1 Genomic Plasticity of I-connectin Underpinning Cardiac Reorganization in Decapod Carcinization

十脚類カニ化の心臓再編を支える I-connectin のゲノム可塑性

○花島章, 木元弥咲, 大平桃子, 斎藤優気, 橋本謙, 毛利聡 川崎医大・生理 1

0_D21-2 Insights from Suncus murinus for mammalian tooth evolution

哺乳類の歯の欠失と歯式の進化をスンクスから探る

○森田航 1, 2, 目加田和之 3, 山中淳之 4 1 科博・生命史、2 東大・理、3 岡山理大・理、4 鹿児島大・医歯

0_D21-3 Developmental mechanisms and evolutionary origin of cerata in aeolid sea slugs

ミノウミウシ類の背側突起形成機構と進化的起源

金井直樹 1, 小口晃平 1, ○三浦徹 1 1 東大・院理・臨海

0_D21-4 Endogenous Retroviral Insertions Drive Phenotypic Evolution in the Panda Mouse

内在性レトロウイルス挿入がもたらすパンダマウスの表現型進化

田邊彰 1, 今井悠二 2, 小出剛 2, 3 1 名大・動物遺伝, 2 遺伝研・マウス開, 3 総研大・遺伝

0_D21-5 Identifying Jomon and Yayoi Facial Types Through Cluster Analysis of Japanese Facial Shapes

現代日本人顔形状のクラスター分析による縄文顔と弥生顔の探索

○今西規 1、ゲノムモンタージュプロジェクト 1 東海大・医

0_D21-6 Comparative single-cell omics analysis in human and ape brains

ヒトと類人猿の脳における単一細胞比較オミクス解析

○郷康広 1, 2, 3, 辰本将司 1, 野口京子 1, 臼井千夏 1 1 自然科学研究機構・生命創成探究センター, 2 自然科学研究機構・生理研, 3 兵庫県大・情報

0_D21-7 Molecular mechanisms underlying forewing stridulatory organ patterning and directional left-right asymmetry in orthopteran insects

直翅目昆虫の前翅発音器にみられる左右非対称性の発生機構

○中村太郎 1, 2、新美輝幸 1, 2 1. 基礎生物学研究所 進化発生研究部門, 2. 総合研究大学院大学 先端学術院

0_D21-8 Defense or Growth: Molecular basis of differential gall development
in two *Cuscuta* species

虫こぶ形成の宿主・非宿主を分ける分子進化的解析

熊谷佳奈子 1、土`田 努 2、〇別所-上原 奏子 1 1 東北大・生命科学、2 富
山大・理学

ポスター発表一覧

★：ポスター発表賞審査対象

- P01 「染色体ラボ」構想：ネットワークの拡大による教育研究拠点の発掘を目指して
田辺秀之 1, 2
1 総研大・統合進化科学研究センター, 2 染色体学会・代表理事
- P02 遺伝子発現ネットワークの攪乱と適応進化が駆動するサブゲノム発現バイアスの進化
荻田悠作, 印南秀樹
SOKENDAI・RCIES
- P03 TASUKE+：大規模なゲノム多型データや集団遺伝学解析結果を可視化するゲノムブラウザ
熊谷真彦 1、田部井紀雄 2、川原善浩 1、坂井寛章 1、伊藤剛 3
1 農研機構高度分析研究センター、2 ダイナコム株式会社、3 国立台湾大学
- P04 aligons：ゲノム配列の進化的保存度を評価・可視化するパイプライン
○岩寄航、牧野能士
東北大・院生命
- P05★ 保存非コード配列の密集性と魚類尾鰭形態進化の関連解析
○佐伯 宜幸 1, 戴 藝娉 1, 岩寄 航 1, 上坂 将弘 1, 田村 宏治 1, 牧野能士 1
1 東北大・院生命
- P06★ 位置的保存 lncRNA が TAD 境界の CTCF 結合に与える影響の探索
渡邊峰、牧野能士
東北大、院生命
- P07★ Recent Soft Selective Sweeps Shaping *CDH13* Variation in East Asian Populations
○Jonghyun Kim, Ohashi Jun

Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, The University of Tokyo, Tokyo, 113-0033, Japan

P08 From Population History to Human Health: Evolutionary Insights from the Japanese Archipelago

*Manuel Quintero-Reguero¹, Kae Koganebuchi², Mayu Kamoshita¹, Hiroki Oota², Hiromi Matsumae¹
¹Tokai Univ., ²U-Tokyo

P09★ 先史ボリビアの生業形態と人口動態に関する古人骨ミトコンドリアゲノム分析

○片岡梨沙子¹、Adrian A. Davin²、米田穰³、吉田光希¹、藤木雅¹、脇山由基¹、渡部裕介¹、小金渕佳江¹、Guido Valverde⁴、太田博¹
¹ 東京大学 大学院理学系研究科、² Institute of Microbiology ETH Zurich, Zurich, Switzerland、³ 東京大学 総合研究博物館 放射性炭素年代測定室、⁴ Eurac Research, Institute for Mummy Studies

P10★ ウミガメの海洋適応に伴う適応遺伝子の探索

○大藤心旅¹、早川敏之²、手島康介³
¹. 九大システム生命科学府、². 九大基幹教育院、³. 九大理学研究院

P11★ 有鱗目ゲノムにおける核ミトコンドリア DNA 断片の挿入と LINE トランスポゾン転移の関連

○野々山圭祐¹、吉田恒太²、神林千晶¹
¹ 新潟大・院自然科学、² 新潟大・脳研究所

P12 脊椎動物におけるゲノムの構造的な変化がもたらす進化可能性

○川口也和子¹、工樂樹洋¹
¹ 遺伝研・分子生命史

P13★ 動物免疫細胞分化制御遺伝子 CEBP の多細胞性進化前の機能

○小寺理芳¹、井上茉美²、傳保聖太郎¹、日野礼仁¹、長畑洋佑³、河本宏⁴、菅裕¹
¹ 県広大・院総合学術・生命システム科学、² 県広大・生物資源科学、³ バルセロナ・進化生物学研究所、⁴ 京大・再生医科学研究所

P14★ 小笠原諸島母島列島における外来ネズミの島間移動推定

○川相葵 1, 片山雅史 2, 川上和人 3, 川合佑典 1

1 帯広畜産大・獣医, 2 国立環境研究所, 3 森林総合研究所

P15★ 保存された TAD 構造における Dlx エンハンサー獲得と発現進化

○松本爽花 1、田邊彰 1、中西晶子 1、隅山健太 1

1 名大・院生命農

P16★ 脊椎動物で高度に保存された Gsx1 エンハンサー候補の機能解析

○中村友輔 1、中西晶子 1、田邊彰 1、隅山健太 1

1 名大・院生命農

P17 日本猫における遺伝的集団構造と形質の地域差

○荒堀みのり

1 アニコム先進医療研究所株式会社

P18 軟骨魚類におけるアクアポリンの輸送基質選択性と機能分化

○永島鮎美 1, 日高 進一郎 1, 加藤明 1

1 東京科学大・生命理工

P19 淡水・海水型イトヨの染色体スケールゲノム配列の比較によるトランスポゾン新規挿入サイトの網羅的同定

○丹羽大樹 1, 神部飛雄 1, 2, 山崎耀 1, 北野潤 1

1 遺伝研, 2 静岡大・院理

P20 ニシン目における脂肪酸不飽和化酵素 Fads2 の機能進化

○後藤康丞 1、水野雅玖 1、岡本一利 1、峯田克彦 1, 2, 3、五條堀孝 1, 2, 4、齋藤禎一 1

1 マリンオープンイノベーション機構、2 早稲田大学、3 静岡理工科大学、4 台湾国立成功大学

P21★ ヨシノボリ属の反復した地域適応における遺伝子浸透の進化的寄与

○高田喜光 1, 山崎曜 2, 渡辺勝敏 1

1 京大・院理, 2 遺伝研

P22★ 東アフリカ産シクリッドで共有される祖先多型の進化的起源

○滝隼輔 1, 相原光人 1, 長澤竜樹 1, 二階堂雅人 1

1 東京科学大・生命理工

P23★ ノハラカオジロショウジョウバエのY染色体は有益かそれとも有害か

○長田樹香 1, 内田友夏 1, 野澤昌文 1, 2

1 都立大・院理, 2 都立大・生命情報セ

P24★ オス妊性遺伝子から探るショウジョウバエY染色体消失の条件

○佐藤琴美 1, 並木彩花 1, 長田樹香 1, 内田友夏 1, 野澤昌文 1, 2

1 都立大・院理, 2 都立大・生命情報セ

P25★ *Gcna* はホンウスグロショウジョウバエにみられるメス偏向性比異常現象の原因遺伝子か？

○堀井翔 1, 柳町悠斗 1, 竹田真優 1, 武尾里美 1, 加藤雄大 1 2, 野澤昌文 1 3

1 都立大・院理 2 農研機関・生物機能利用 3 都立大・生命情報セ

P26★ アカショウジョウバエの進化におけるネオ性染色体の集団動態

○大井陽平 1, 田村浩一郎 1, 2

1 都立大・院理、2 都立大・生命情報セ

P27 カメムシ亜目昆虫における *doublesex* 遺伝子の性差や共生器官への影響

○高橋迪彦 1, 2, 高田悠太 1, 杉山隆雅 1, 3, 森山実 1, 深津武馬 1, 3, 4, 二橋亮 1

1 産総研, 2 名大・院理, 3 東大・院理, 4 筑波大・院生命環境

P28★ 引き出しで飼える！新規発光モデル生物アカイボトビムシのゲノム解読

○佐野孔亮 1, 中森泰三 2, 大平敦子 3, 山口勝司 4, 重信秀治 4, 別所-上原学 5

1. 東北大・院生命, 2. 横国大・院環境情報, 3. 千葉科学大・危機管理, 4. 基生研, 5. 東北大・学際研

P29 トゲオオハリアリにおける組織・カースト特異的ゲノムインプリンティング

若宮健（東京科学大学），土畑重人（東京大学），○岡田泰和（名古屋大学）
名大・生命理学

P30★ ゾウムシは細菌の毒素遺伝子で虫こぶを誘導する！?水平転移がもたらした「延長された表現型」

○温井 貴駿 1, 森山 実 2, 山口 勝司 3, 重信 秀治 3, 佐野 孔亮 4, 別所-上原 奏子 4, 土`田 努 1

1 富山大学, 2 産業技術総合研究所, 3 基礎生物学研究所, 4 東北大学

P31★ 愛知県産ハエトリグモ類の DNA バーコーディング

○村田直哉 1, 加藤修朗 2, 熊澤慶伯 1

1 名古屋市大・院理, 2 中部蜘蛛懇談会

P32★ 深海潜水鯨類の視物質ロドプシンにおける耐圧性進化

竹内颯 1

1 北大・環科院

P33★ シクリッドの婚姻色決定遺伝子の探索と LWS オプシンの進化史解析

○蒲原裕登 1, 滝隼輔 1, 一条信 1, 二階堂雅人 1

1 東京科学大学・生命理工学院

P34★ 両生類 V1R の進化史とその機能についての考察

○小玉風介 1, 長澤竜樹 1, 二階堂雅人 1

1 東京科学大学 生命理工学院

P35★ Diversity of olfactory and bitter-taste receptor multigene families in global human populations

*Dongyue Wang¹, Muhammad Shoaib Akhtar¹, Hie Lim Kim², Shoji Kawamura¹
¹Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, Kashiwa, Japan, ²Asian School of the Environment, SCELSE / Nanyang Technological University

P36★ ガストデューシンの起源に関する研究：哺乳類は味覚特異的分子をどのように獲得したのか

○伊藤隆晃 1, 井上遼太郎 2, 高木亙 2, 兵藤晋 2, 長澤竜樹 1, 二階堂雅人 1

1 東京科学大学・院生命理工, 2 東京大・大海研・生理

P37★ 落とし穴式の食虫植物における段階的適応進化のゲノム解析

○山崎聖翔 1 2, 西口智也 2, 福島健児 1 2

1 総研大・遺伝学, 2 遺伝研・新分野創造

P38★ コケ植物における多様な起源を持つイソプレレン合成酵素の解明

○川上哲也 1, 宮崎翔 2, 井上侑哉 3, 川出洋 1

1 東農工大院・連合, 2 東電機大・理工, 3 科博・植物

P39★ シダ植物のアポガミーを制御する遺伝子の探索

○岩本知優 1, 2, 米岡克啓 2, 福島健児 1, 2

1 総研大・遺伝, 2 遺伝研

P40 ストレプト植物ゲノムにおける核・葉緑体・ミトコンドリア短配列語彙の進化的層構造

大槻涼 1

駒大・総合教育

P41 ザゼンソウ属 3 種の染色体レベルゲノム比較による発熱形質の進化の解明

○佐藤光彦 1, 高野(竹中)宏平 2, 稲葉靖子 3, 4

1 かずさ DNA 研, 2 長野県環境研, 3 宮崎大・農, 4 東北大・院・生命

P42★ Evolutionary charge amplification of an ancient *Poaceae* intrinsically disordered protein family drives abiotic stress protection

Arriel Fadhilah¹, Yutaro Okumura¹, Misaki Kamiya¹, Shin-ichiro Kidou

¹Graduate School of Science Nagoya City University, ²Research Center for Biological Diversity Nagoya City University

P43★ P23k タンパク質ファミリーにおける配列多様化と立体構造保存の進化パターン

○Yutaro Okumura¹, Yumi Kato¹, Soyoko Ino¹, Arriel Fadhilah¹, Shin-ichiro Kidou^{1, 2}

¹Graduate School of Science, Nagoya City University, ²Research center of diversity

P44 Evolutionarily conserved candidate regulatory sORFs in the upstream regions of canonical genes in Arabidopsis

*Norhafizah Binti Sidek, Yabuta Kosuke, Tomoyuki Takeda, Kazumasa

Shirai, Shintaro Iwasaki, Yuichi Shichino, Kousuke Hanada Department of

Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology, Iizuka,
Fukuoka, Japan

P45★ 四肢動物における後肢の形成位置の多様性を生み出す *Gdf11* 遺伝子のエンハンサーの進化

○松山容平, 鈴木孝幸

大阪公立大・院理・生物

P46★ エコロケーション様式に基づくコウモリ脳形態の比較

林川真也, 鈴木大地, 小薮大輔

筑波大・生物学学位プログラム, 筑波大・生命環境系, 中山大・生態学院/筑波大・PMC

P47★ キリンの頸椎を伸長させる遺伝子の探索と機能解析

○高田侃汰

大阪公立大学大学院 理学研究科 生物学専攻 発生生物学研究室

P48★ 齧歯類の種間比較による頭骨の機能形態学的特徴

○平口裕梨 1, 遠藤秀紀 2

1 東大・農学生命科学, 2 東大・総合研究博物館

P49★ 鯨類に特異的に観察される肋骨骨折の成因の解明

○中山晃輔 1、藤原慎一 2

1 名大・院環境、2 名大博物館

P50★ 両生類表皮ケラチン遺伝子の多様化 —比較ゲノム解析から陸上適応を考える—

○高野誠人 1, 鈴木賢一 2, 林利憲 3, 松波雅俊 4, 福井彰雅 1

1. 中央大学大学院理工学研究科生命科学専攻, 2. 基礎生物学研究所, 3. 広島大学両生類研究センター, 4. 琉球大学医学研究科 先端医学研究センター

P51 画像解析と NGS 解析からみた、錦鯉の歴史

○藤村衡至 1, 磯貝葉 1, 阿部貴志 2, 唐木沢秀之 3, 的山央人 3, 佐藤将 3, 渡邊正勝 4

1 新潟大学 理学部, 2 新潟大学 工学部, 3 新潟県 内水面水産試験場, 4 名古屋大学 細胞生理学研究センター/大学院創薬科学研究科

- P52★ ショウジョウバエの模様進化におけるシス制御領域の微細な配列変化の役割
○柄澤匠 1, 越川滋行 1, 2
1 北大・院環境科学, 2 北大・地球環境科学研究所
- P53★ テナガショウジョウバエをモデルとした、昆虫前脚が特殊化するしくみの研究
○平石拓海 1, 坂井貴臣 1, 朝野維起 1
1 都立大・院理生命
- P54★ オウトウショウジョウバエにおける産卵特性の変化に伴う雄の前脚形態の進化
○高橋幸太郎 1、山本廉太 1、高橋文 1, 2
1 都立大・院理・生命科学、2 都立大・生命情報センター
- P55★ トリバネアゲハ類の翅形態の進化における制約の構造
○小野嵩斗 1・安井行雄 2・坪井助仁 3・高橋佑磨 4
1 千葉大・院融, 2 香川大・院農, 3 ルンド大・生物, 4 千葉大・院理
- P56★ 不完全変態昆虫フタホシコロギから探る変態鍵遺伝子の祖先的な役割
○古川龍之介 1、門嶋真奈 1、大門高明 1、大出高弘 1
1 京大・昆虫生理
- P57★ キクイムシ類における大顎形態の多様性
○福本智哉 1, 朝川毅守 1
1 千葉大・院理
- P58★ 祖先的な成虫化プログラムへのホルモン制御の重層化が昆虫変態の起源となった
○稲田圭 1、西沢柊 1、大出高弘 1、大門高明 1
1 京大・院農
- P59★ 甲虫の武器サイズ多型を生み出す遺伝子たちを探す
○加藤巧己, 岡田泰和
名大・院理

P60 オオアオイトトンボの緑色金属光沢形成に関わる遺伝子の探索

○奥出絃太 1、鈴木雅京 1、二橋亮 2

1 東大・新領域、2：産総研

P61★ 昆虫尾角は真の付属肢か？：分子レベルでの再検討

○歳藤丈瑠 1、大出高弘 1

1 京大・院農

P62★ 社会性アブラムシにおけるカースト間の脳構造比較

○山田 拓 1、渡邊崇之 2、松下敦子 2、木下充代 2、重信秀治 1, 3, 4

1 総研大・基礎生物学, 2 総研大・統合進化科学, 3 基礎生物学研究所, 4 筑波大・TARA

P63★ アワゴケ属水生植物の染色体ゲノム比較から迫る祖先形質の喪失メカニズム

○溝口大樹 1, Ji Yang Kim1, 古賀皓之 1, 塚谷裕一 1

1 東大・院理

P64★ ニハイチュウ類における細胞数の進化：生態，発生，形態学的観点視点から

○仲上萌，古屋秀隆

阪大・院理

P65★ 共生細菌によるアブラムシの体色変化-その分子機構を探る-

○小野満里奈 1、鈴木みゆず 2、重信秀治 2、土`田努 3

1 富山大・院理工 2 基生研 3 富山大・学術・理

P66★ マメ科植物-根粒菌共生における植物-土壌フィードバックの解明へ向けて：
全ゲノム解析と混合接種実験から探る

○太田千晴 1，番場大 2，佐藤修正 3，土松隆志 1

1 東大・理・生物, 2 静岡大・農, 3 東北大・生命科学

P67★ Growth Characteristics and Salt Tolerance of *Bacillus* spp. Isolated
from a Hypersaline Solar Saltern in Indonesia

Lutfi Nimatus Salamah1, Nobuhiko Sakurai1

Graduate School of Science, Nagoya City University

P68★ アガロースを分解する低温耐性菌の海洋からの探索

○古川帆乃, 櫻井宣彦
名市大院・理・生命情報

P69★ 薬剤濃度勾配下での合成細菌群集の複数増殖状態への収束

○北條拓也 1, 2、古澤力 1, 2
1 東大・院理、2 理研 BDR

P70 雌雄同体植物における自殖と性配分の進化に駆動される生物群集の双安定性

森田慶一 1, 2○, 入谷亮介 1
1. 北海道大学・大学院地球環境科学研究所, 2. 理化学研究所・数理創造研究センター

P71 世代時間が長い生物は環境変化に適応できるのか：世代重複モデルでの進化的救助

○富本創 1、山道真人 1
1 遺伝研

P72★ 異なる温度ニッチに適応した無尾両生類における低温忌避行動および低温耐性の比較解析

○桑山紘之 1、齋藤くれあ 2、井川武 3、齋藤茂 1、2
1 長浜バイオ大・院・バイオサイエンス、2 長浜バイオ大・アニマルバイオ、3 広島大学・両生研

P73★ 交配時間で隔離されたホストレース？：クズホソガの種内集団間にみられる生態的分化と隔離障壁

○南海優里奈 1, 羽田智子 1, 山本格 1, 大島一正 1, 2, 3
1 京都府大・院生命環境, 2 京都府大・新自然史科学創成センター, 3 京都府立植物園

P74★ ショウジョウバエにおけるフェロモン選好性の進化に関わる神経機構

八巻健太 1, 伊東和貴 1, 上川内あづさ 1, 石川由希 1, 2
1 名大・院生命, 2 筑波大・生命環境

P75★ アカショウジョウバエのネオY染色体の多様性維持と集団内固定のメカニズム

○藤岡桜愛 1, 萩野里奈 1, 植田泰地 1, 田村浩一郎 1, 2, 3

1 都立大・院理, 2 都立大・理学部, 3 都立大・生命情報研究センター

P76★ 高温適応進化における新しいプロテオスタシスモデルの提案とその検証

○寺島 悠大 1、伊藤 璃久 1、増田 豪 2、松尾 萌 1、河野 暢明 3、岸本 利彦 1
1 東邦大・院理・生物分子、2 慶大・政策メディア研究科、3 慶大・先端生命研

P77★ 共通祖先以前に重複した遺伝子を用いた真核生物系統樹の根の推定

○原田悠汰 1, 牧野能士 1
1 東北大・院生命

P78★ 変動環境下における恒常的な多細胞生活環の進化条件の解明

○中野来喜 1、Yuriy Pichugin 2
1 総合研究大学院大学・統合進化化学コース, 2 Max Planck Institute for Evolutionary Biology

P79★ ステム棘皮動物化石から探る歩帯の起源と進化

○吉田恩 1, 重田康成 2, 三上智之 2
1. 筑波大学・院理工情報生命 2. 国立科学博物館・生命史

P80 ウスタケ属が西ヨーロッパで見つからない理由

○安藤洋子, 宮寄厚
石巻専修大・生物科学

P81★ A molecular phylogenetic study of the genus *Pagurus* based on mitochondrial and nuclear gene data.

* Dipa Dhungana¹, Masayoshi Unno¹, Takashi Kitano¹
¹Ibaraki Univ.

P82 日本産山地性カワゲラ類ミネトワダカワゲラ *Scopura montana* の系統地理

谷井智紀 1, 草刈広一 2, 清水洋樹 2, ○北野誉 1, 梅津和夫 3
1 茨大・院理工, 2 小国山岳会, 3 山形大・医

P83★ 交配時刻には亜科・属・種内でどの程度の多様性がみられるか? ホソガ科を例に

勝部圭 1, 大島一正 1・2・3

1 京都府大・院生命環境, 2 京都府大・新自然史科学創生センター, 3 京都府立植物園

P84★ 名古屋市周辺におけるサンショウオ属の核 DNA に基づく遺伝的多様性

○濱口舞琳 1, 藤谷武史 2, 3, 熊澤慶伯 2

1 名市大・総合生命理 2 名市大・院理 3 なごびオ

P85 日本におけるコウモリ由来コロナウイルスの系統地理解析

○川久保修佑 1, Ananporn Supataragul 1, 2, 佐藤佳 1, 2, 3

1 東京大学医科学研究所システムウイルス学分野, 2 東京大学大学院医学系研究科, 3 Programme in Emerging Infectious Diseases, Duke-NUS Medical School, Singapore

P86 コウモリはいかにしてウイルスと共存しているのか —コウモリを使った新型コロナウイルス感染実験からさぐる自然宿主コウモリの感染応答—

○臼井郁 1, 津田真寿美 2, 瓜生慧也 1, 藤田滋 1, 王磊 2, 鹿島幸恵 3, 鈴木穰 3, 田中伸哉 2, 伊東潤平 1, 佐藤佳 1

1 東京大学医科学研究所 システムウイルス学分野, 2 北海道大学大学院医学研究科 腫瘍病理学教室, 3 東京大学生命データサイエンスセンター

P87★ 農作物における系統関係に基づく栄養要求性の予測

○清原涼平 1, 2, 大久保織 2, 3, 福谷匠哉 1, 2

1 関学大・院理工, 2 関西学院 AgriNOVA, 3 関学大・生命環境

P88★ 脊椎動物の抗原提示細胞の獲得における IRF-SPI による転写制御機構の変化

○栗生美怜 1, 西山晃 1, 田村智彦 1, 2

1 横浜市大・院医・免疫学, 2 横浜市大・先端研

P89 仏像の顔貌における形態的多様性は何によって規定されるのか？

西川有理 1, 鴨下真由 2, 中分遥 3, 中島悠太 4, 藤岡穰 5, ○松前ひろみ 1

1. 東海大・医学部, 2 東海大・院総合理工, 3 北陸先端大・データ社会メディア, 4 阪大・産研, 5. 成城大・文芸

P90★ ウミサボテン(*Echinoptilum macintoshi*)からのルシフェラーゼ機能解析

○黒坂瑠育 1, 別所一上原学 1, 2

1 東北大・院生命科 2 東北大・学際研

- P91 進化生態学的アプローチを用いたニホンジカの環境適応機構の解明
樽澤優芽子 1
1 九大・高等研
- P92 Evidence-Based Evolutionary Thinking Model (EBETM) の提案 —100 万年後のカモノハシ進化設計を用いた進化的思考分析—
小川 博久
武蔵野大学 サステナビリティ研究所
- P93 ミトコンドリア DNA と核 DNA によるドブガイ類の系統解析
滝川梨子 1, 横井敦史 2, 川瀬基弘 3, 南谷 幸雄 4, ○熊澤慶伯 2
1 名市大・総生命理, 2 名市大・院理, 3 愛み大, 4 栃博

高校生ポスター発表一覧

- PJ1 東海地方におけるニホンカナヘビの形態調査
愛知県立瑞陵高等学校理数科
平野義富、伊藤夏唯、宇都宮由奈
- PJ2 蚊を誘引する花の構造 ～新しい送粉シンドロームの可能性～
千代田区立神田中学校
熊谷緋沙子
- PJ3 爬虫類の歯骨に見られる血管神経孔の役割について
東京学芸大学附属高等学校
松谷尚紀
- PJ4 ガクアジサイ *Hydrangea macrophylla* の生き残り戦略
浦和実業学園中学校・高等学校
管野 みのり 文 葉奈
- PJ5 餌条件によるプラナリアの成長と自切に及ぼす影響
東京都荒川区第四峡田小学校
佐藤大悟（藤田あかり、鹿島誠）
- PJ6 ヒトの知能の進化論的背景
岡山白陵高等学校
佐々木 智彬
- PJ7 ダンゴムシの丸まる時間は遺伝するのか
高槻高等学校
高橋歩子・渡邊成美・塩飽星奈
- PJ8 スギナに見られる蛍光成分V
静岡県立磐田南高校 生物部
青葉祭、稲垣諒
- PJ9 里山から消えたタガメの真相 ～光走性から明らかにするタガメの保全生態学～

浜松学芸中学校・高等学校

阿知波ハル・丸尾泰雅・山内希一・平松侑大・黒田立輝・大森奏

- PJ10 空間における認知の適応から捉える錯視の進化論的考察 ～ボンゾ錯視と月高度との関連性～

浜松学芸中学校・高等学校

黒田立輝・平松侑大・寺田海斗・池田橙真・鈴木麻紘・今原良

- PJ11 なぜシジミは絶滅したのか？ ～汽水域における底生生物の分布特性と環境要因～

浜松学芸中学校・高等学校

今原良・洲崎幸弥・関本蒼大・縣駿太・二橋春仁

- PJ12 陸ガニは植物種子をどこに運ぶ？ ～人工果実を用いた種子の移動距離と移動環境の解明～

浜松学芸中学校・浜松学芸高等学校

平塚菜那・琴野遥香・鈴木麻紘・今原良・今原良

- PJ13 オオカマキリの視覚実験Ⅱ ～カマキリの捕獲反応における視覚情報の役割～

浜松学芸中学校・高等学校

琴野遥香

- PJ14 ノルウェーのサッカー選手がアライグマの剥製を連れて W 杯から帰ってきた！ ～里山の特定樹種爪痕調査と YouTube 生態学～

浜松学芸中学校・高等学校

大森奏・阿知波ハル・丸尾泰雅・平松侑大・山内希一

- PJ15 コジュケイに訛りはあるか？ ～音声解析を用いたコジュケイの鳴き声の地域特性～

浜松学芸中学校・高等学校

太田華那・阿知波ハル・水谷架士羽

- PJ16 トウカイコモウセンゴケの葉屈曲反応時にみられる電気シグナル

浜松学芸中学校・高等学校

曾布川誠・石田慶・石田琥珀

- PJ17 それいけ！！ ザリガニバスターズ ～誘引実験から明らかになったアメリカザリガニの採餌生態～

浜松学芸中学校・高等学校

丸尾泰雅・大森奏・平松侑大・阿知波ハル・山内希一・関本蒼大・洲崎幸弥

PJ18 路面標識における立体錯視の進化論的実験および考察

浜松学芸中学校・高等学校

寺田海斗・鈴木麻紘・縣駿太・黒田立輝・井戸澤翠・神門里奈

PJ19 空間における認知の適応から捉える月錯視の進化論的考察 ～ポンゾ錯視と月高度との関連性

浜松学芸中学校・高等学校

黒田立輝・平松侑大・池田橙真・寺田海斗・鈴木麻紘・今原良

PJ20 MIG-seq を用いた兵庫県播磨地方に生育するシハイスミレ類の集団構造解析

兵庫県立小野高等学校

西角風香・林沙良

PJ21 香りを持つクロモジ類の分類学的研究（続報）

兵庫県立小野高等学校

常深花歩・大西彩月

PJ22 分子系統解析と生態ニッチモデリングによるヒメタイコウチの保全（続報）

兵庫県立小野高等学校

宮崎多聞

PJ23 天塩川及び剣淵川におけるウチダザリガニの遺伝子解析

愛知県立明和高等学校

加藤祐大 吉岡航之介 天久遥哉 若原颯 港千紗 山田莉子

PJ24 フクロテナガザルの菜食に使用する手の偏りについて

愛知県立明和高等学校

印東結梨 畑野響喜

PJ25 タカサゴユリの受粉方法による繁殖力の違い

岐阜県立加茂高等学校

大平結楽 浪上純奈 波多野陽マリ 渡邊裡名

- PJ26 瑞浪層群から産出したサイ類化石の顎の形状の推定（2）
岐阜県立加茂高等学校
加納萌遥、川守結菜、桑下七那輝、佐伯芽依奈
- PJ27 アルビノホンドタヌキの遺伝子から探る広域移動
三重県立四日市高等学校
澤田沙希
- PJ28 ツグミ科3種の風切羽における種間変異について
岐阜県立大垣北高等学校 自然科学部 ハクセキレイ班
馬場美優、阿部百花、佐々木日毬、小森裕介、伊藤大智、長柄奏佑
- PJ29 交雑個体から岐阜のオオサンショウウオを守る！ ～在来個体と交雑個体の食性の違い・
在来個体と交雑個体の欠損の比較・親子鑑定を用いた繁殖状況の解明～
岐阜県立大垣北高等学校 自然科学部オオサンショウウオ班
小林那奈美・高橋志帆・吉田みのり・佐藤剛駈・伊藤那緒・西川圭右・
吉田にこ・林優花・森由里愛・高橋松之助・島田翔礼・岩間壮志・安藤芽唯
- PJ30 魚類骨格標本の作成と観察からわかる魚類の生態について
岐阜県立加茂農林高校
楯怜佳 神農はな
- PJ31 日本の水生昆虫におけるベルクマンの法則
1 コザ高校・生物部、2 琉大 STELLA、3 琉球大学・農学部・亜熱帯農林環境科学科
渡邊 智也 1,2、下地 博之 3
- PJ32 止水性サンショウウオ2種の生殖隔離に伴う種分化
岐阜県立岐阜高等学校自然科学部生物班
三尾優人 内藤哲志 國井奏佑 日比野蒼汰 伊藤蘭 猪原悠太 白井心春
大橋和季 中川大空
- PJ33 岐阜県西濃地域を中心として、旧街道沿いに生育する在来タンポポに関する調査
岐阜県立大垣西高等学校
杉本佳子、藤田葉奈

進化学夏の学校

2026年8月22日（土） 9：30～12：00

名古屋大学 東山キャンパス 全学教育棟 S30 講義室

非モデル生物の進化研究のためのゲノム解析入門 ～ゲノムプロジェクトの設計からアセンブリ・アノテーションまで～

重信秀治 123

1 基生研, 2 筑波大・TARA, 3 総研大・基礎生物学

近年、次世代シーケンス技術の進展により、非モデル生物であっても比較的容易にゲノム配列を解読できるようになり、ゲノム情報に基づく進化研究は急速に広がっています。その一方で、シーケンス技術やバイオインフォマティクス手法の進歩は速く、研究目的や対象生物に応じてどのような手法を選択すべきか、判断に迷う場面も少なくありません。また、非モデル生物ならではの難しさも存在します。

今回の「夏の学校」では、新規にゲノムを決定する場面を想定したゲノム解析の入門講座を開催します。まず、ゲノムプロジェクトの戦略立案からデータ解析までの全体像を概観します。次に、次世代 DNA シーケンサーから得られる生データを出発点として、ゲノム配列の構築（アセンブリ）、遺伝子および機能の注釈付け（アノテーション）に至る一連のプロセスを重点的に解説します。具体的な解析ツールの使用例についても、デモを交えながら紹介します。対象は原核生物と真核生物の双方とします。時間が許せば、得られたゲノム情報を進化研究に活用するための比較ゲノム解析の手法についても触れます。受講対象は、ゲノム解析の初級者から中級者を想定しています。

市民公開講座

2026年8月22日（土） 13:00～15:30

名古屋大学東山キャンパス全学教育棟 S30 講義室（12:30 開場・受付開始）

「動物の装飾や武器はどのように進化してきたか」

オーガナイザー：岡田泰和、田中良弥（名古屋大学）

岩田 容子 博士（東京大学）

「イカにみられる柔軟で巧みな繁殖戦略」

小島 渉 博士（山口大学）

「カブトムシの求愛と闘争」

長谷川 克 博士（奈良教育大学）

「機能美・造形美・かわいさから見たツバメの世界」

スポンサー・展示企業

JT生命誌研究館

NBRP（メダカ、ツメガエル・イモリ）

株式会社生物技研

国立大学法人総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター

ビッツ株式会社 BITS (BioInformation Technology & Science)

伊勢久株式会社

株式会社カーク

中山書店

共催

名古屋大学生命農学研究科・農学部

名古屋大学理学研究科・理学部

なお本大会開催にあたっては、公益信託進化学振興木村資生基金から一部補助を受けております。

第 28 回日本進化学会大会委員会

大会長・大会実行委員長

隅山 健太 (名古屋大学)

大会実行委員

一柳 健司 (名古屋大学)

嶋田 誠 (藤田医科大学)

鈴木 善幸 (名古屋市立大学)

熊澤 慶伯 (名古屋市立大学)

今井 啓雄 (京都大学)

桂 有加子 (京都大学)

石川 由希 (筑波大学・名古屋大学)

岡田 泰和 (名古屋大学)

田中 良弥 (名古屋大学)

太田 元規 (名古屋大学)

田邊 彰 (名古屋大学)

飯田 敦夫 (名古屋大学)

重信 秀治 (基礎生物学研究所)

松村 秀一 (岐阜大学)

太田 博樹 (東京大学)

中川 草 (東海大学・アドバイザー)

中山人間科学振興財団創立35周年記念出版

SYSTEMATIC ZOOLOGY

Comprehensive Guide to All Metazoan Phyla

2026年9月刊行予定

『動物系統分類学』
特設サイト



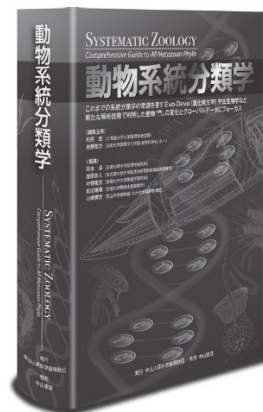
動物系統分類学

編集主幹 柁原 宏 (北海道大学大学院理学研究院)
島野智之 (法政大学自然科学センター・国際文化学部)
編 集 岡本 卓 (京都大学大学院理学研究科)
自見直人 (名古屋大学大学院理学研究科附属臨海実験所)
中野隆文 (京都大学大学院理学研究科)
松沼瑞樹 (京都大学舞鶴水産実験所)
山崎博史 (国立科学博物館／九州大学基幹教育院)

これまでの系統分類学の常識を覆す Evo-Devo (進化発生学) や古生物学など新たな解析技術で判明した動物“門”の変化とグローバルデータにフォーカス

B5 判／並製／4色刷／1,504頁／定価 4,950 円 (本体 4,500 円＋税)

発行 中山人間科学振興財団／発売 中山書店



ISBN 978-4-521-75157-3

 中山書店

〒112-0006 東京都文京区小日向4-2-6 TEL 03-3813-1100 FAX 03-3816-1015
<https://www.nakayamashoten.jp/>

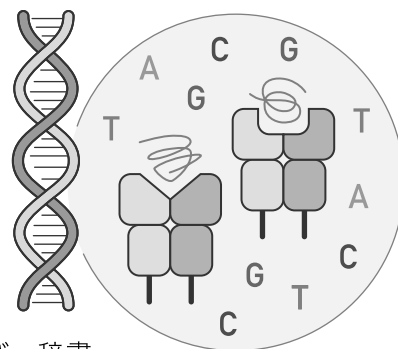
1 バイオインフォマティクス

✓ 次世代型シーケンサー関連情報処理サービス

大量の配列データの解析を、コンサルティング、受託解析、システム開発などトータルにサポートします。

✓ データ活用、ビジュアル化

- ▶ ライフサイエンス辞書ツール：生命科学用語翻訳マウスオーバー辞書
- ▶ GenomeBox/Block/Stick：大量シーケンスデータ対応ハンディゲノムブラウザ



2 医療情報

✓ 先進的治療支援テクノロジー

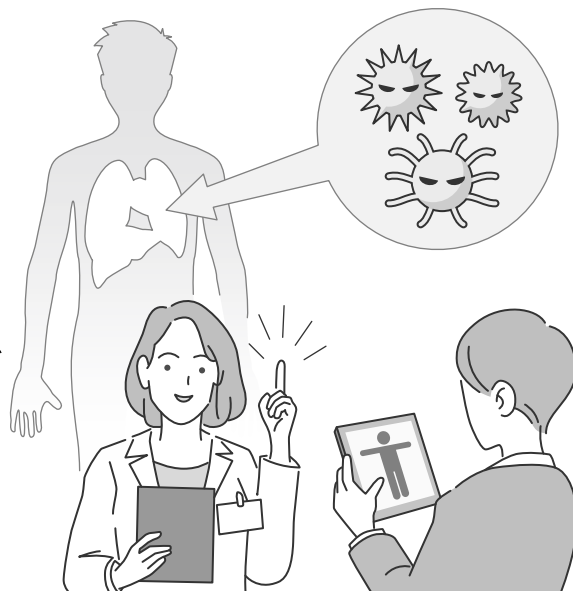
がん診断・治療など遺伝子情報を活用した最先端の臨床活動をサポートします。

✓ 感染症情報活用テクノロジー

電子カルテ(臨床)から感染経路追跡(疫学研究)まで幅広くサポートします。

✓ iRIS：関節リウマチ問診システム

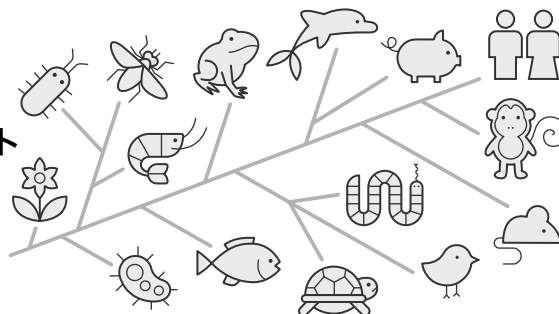
関節リウマチのスムーズな診察をサポートする革新的なシステムです。



3 研究支援

✓ 分子生物学／医学研究を情報技術でサポート

- ▶ 系統進化解析／多様性解析
- ▶ 臨床データの各種統計解析
- ▶ 研究成果のデータベース化



学生の皆様：インターン生を募集しています！

IT技術者募集中

IT技術全般、特に医療・バイオに興味のある方、当社と一緒に働きませんか？

ビット株式会社 www.bits.cc

〒101-0062 東京都千代田区神田駿河台1-5-5 レモンパートIIビル 7F

TEL
FAX

03-5244-5978