



統合進化科学研究センター
統合進化科学コース

Research Center for Integrative
Evolutionary Science
Integrative Evolutionary Science

2023-2024
<https://rcies.soken.ac.jp/>

統合進化科学研究センター 統合進化科学コース 2023

目次

統合進化科学研究センター長の挨拶	3
統合進化科学研究センター概要	4
教員紹介	
本郷 一美 准教授	6
蔦谷 匠 助教	7
杳掛 展之 教授 (コース長)	8
渡辺 佑基 教授	9
寺井 洋平 准教授	10
木下 充代 准教授	11
渡邊 崇之 助教	12
入江 直樹 教授	13
颯田 葉子 教授	14
大田 竜也 准教授	15
五條堀 淳 講師	16
田辺 秀之 准教授	17
佐々木 顕 教授	18
大槻 久 准教授	19
印南 秀樹 教授 (センター長)	20
飯田 香穂里 准教授	21
大西 勇喜謙 講師	22
松下 敦子 講師	23
教育の概要・特色	24
主な行事	27
修了生の声	28
葉山キャンパスアクセス	30

〒240-0193

神奈川県三浦郡葉山町(湘南国際村) 統合進化科学研究センター事務係

TEL. 046-858-1577 E-mail: hayamajimu@ml.soken.ac.jp

<https://www.soken.ac.jp/>

S O K E N D A I

統合進化科学研究センター

～「進化」を軸にした国内唯一の研究拠点～

センター長挨拶

2022年4月、統合進化科学研究センターが設立されました。「進化」を軸にした国内唯一の研究拠点です。センターの前身である先導科学研究科においても、生物の進化学に特化した研究を行ってまいりました。新センターでは、これをさらに広げて広義に進化学を定義します。生物だけでなく、我々を含む地球上に生活している全生物とそれを取り巻く環境、社会、技術、文化、全てのものが進化していく、それらすべてを研究対象にしたのが「統合進化科学」です。

今、我々を取り巻く環境は大変なスピードで進化しています。なかでも AI の進化は我々の想像を超えるものとなっています。私自身がこれを実感したのは、2016年に Nature に発表された AlphaGo の論文です。「AI が囲碁の世界チャンピオンに勝った!」と。実はこの時点で、将棋、チェス、オセロ等は完全にコンピュータに攻略されていたのですが、囲碁でコンピュータが人を負かすのは今世紀中は無理というような風潮でした。19×19の盤面は計算するには広すぎる、囲碁特有の「霧囲気の手」のようなものはコンピュータには評価できない、というのが主な理由でした。こんな背景もあって、論文発表時の日中韓のプロ棋士受け止め方は冷やかかでした。AlphaGo に負けてしまった“世界チャンピオン”の実力が、彼らのそれに大きく及ばないものであったのも問題でした。しかしその後数週間の間に、AlphaGo は劇的に進化し、本物のプロたちを負かしてしまうのです。今では、プロがAIから学ぶ構図が当たり前になってしまいました。こんな身近な事件から、私は進化学者として大きなことを学びました。囲碁は1000年に及ぶ歴史があります。その先人たちが研究に研究を重ね、最適手を探し求めてきました。その集大成が定石です。囲碁はその定石を学ぶところから始まるのですが、AI は定石書に悪手と書かれている手を平気で打つのです。すなわち、我々が最適だと信じていたものは実は最適ではなく、悪手だと思っていたところに本当の最適があったのです。囲碁というシンプルな単純なルールの上で、なんの環境の変化もない状態での最適化進化でも、このようなことが起こってしまうのです。いかに進化がいい加減なものかわかります。自然界は囲碁の盤面より遥かに複雑です。そして、進化のプロセスをはある意味、成り行きに委ねています。このような局面での最適化進化は、我々が思っているより遥かに行き当たりばったりになっているであろうことは、想像に容易いです。我々が進化をわかったかのように語る行為も慎重にならざるを得ないでしょう。

このように、生物以外の進化に目を向けることによって、学ぶことは大きいと感じます。逆に、生物の進化が生み出したものがテクノロジーの進化に貢献しているものもあります。サメ肌から学んだスイミングスーツ、蚊のストローを応用した注射針等、多くの例があります。また、遺伝的アルゴリズムが AI の学習過程に使われたりもしています。統合進化科学では、さまざまな進化研究間でのフィードバックを大切に、その全体を総合的に捉えることによって進化の本質に迫りたいと考えています。

センター長
印南 秀樹

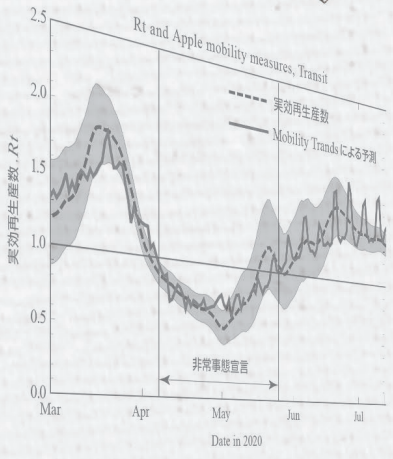
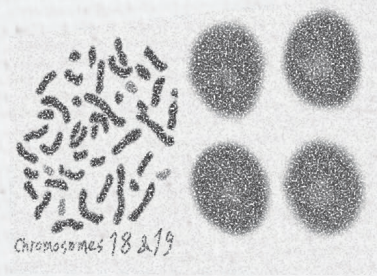
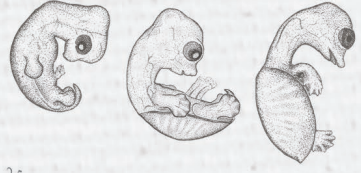
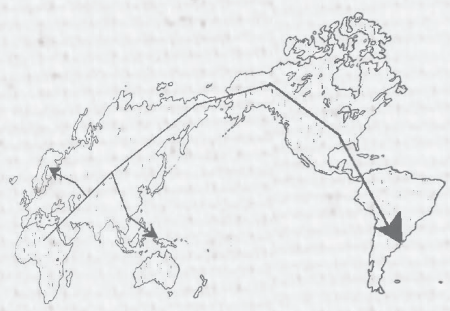


センターの紹介と説明

統合進化科学研究センターでは、「進化」を軸にした国内唯一の研究拠点として国内外の研究機関と連携し、「統合進化科学」という新たな学術領域を創出します。「進化」というと、生物の進化をイメージするかもしれませんが、「統合進化科学」では人間の諸活動によって、科学技術、文化、社会にもたらされた変化、進化も研究対象とします。それら全てをひっくるめて、「統合進化科学」を定義します。

生物 38 億年の歴史の中で、生き物のシステムがどのように作られ変遷していったのか、また、人間の諸活動（社会、心理、言語、文化など）がどのように変化していったのか、さらには、人新世における地球規模の諸問題がどのように進行し、どのような解決策があるのか、といったことも、進化という視点で俯瞰的に考えることを目指します。「統合進化科学」は、このように「進化」という概念をとらえなおし、生物学の知識体系の発展のみならず、進化学の知見を人間理解と社会問題解決へ取り込んだ新しい学術領域を目指します。



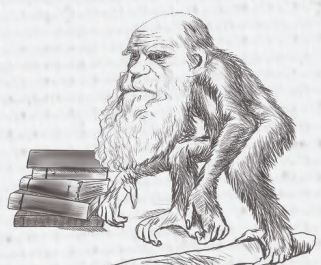


統合進化科学研究センター

— 教員紹介 —



$$\begin{aligned}
 & \frac{\partial^2 g}{\partial t^2} - p(1-p)\frac{\partial^2 g}{\partial x^2} + (1-g)\frac{\partial^2 g}{\partial t^2} + [pq(1-p)(1-g)] \\
 & + D(1-p)(1-2q) - D^2 \frac{\partial^2 g}{\partial D^2} \\
 & + 2D \frac{\partial^2 g}{\partial x \partial t} + 2D(1-2p) \frac{\partial^2 g}{\partial p \partial D} + 2D(1-2q) \frac{\partial^2 g}{\partial q \partial D} \\
 & + [(1-2p) - C(p-q) + 4Asp(1-p-2q+2pq)]
 \end{aligned}$$





環境考古学（動物考古学）・先史人類学

過去・現在・未来の人類と環境の総合的な理解を目指す

本郷 一美 准教授
Hitomi Hongo

研究キーワード

動物考古学、家畜化、西アジア、東アジア、新石器時代



経歴

'96 ハーバード大学人類学部
博士課程修了 (PhD)
'95 - '97 国際日本文化研究センター 講師 (COE 研究員)
'97 - '06 京都大学霊長類研究所 助手
'06 ~ 総合研究大学院大学 統合進化科学コース 准教授

所属学会

International Council for
Archaeozoology (ICAZ)、
日本人類学会、日本動物考古学会、
日本西アジア考古学会、日本第四
紀学会、日本文化財科学会、日本
考古学協会、生き物文化誌学会、
在来家畜研究会、生態人類学会

志望者へメッセージ

統合進化科学コースは小規模な
コースですが、多岐にわたる分野
の研究者が所属しており、色々な
分野横断的な研究をすることが可
能です。ぜひ、既存の学問分野の
枠を超えた研究テーマを見つけて
ください。

E-mail

hongou_hitomi@soken.ac.jp

URL

http://www.esb.soken.ac.jp/
research/hitomi_hongo.html

研究詳細 QR



人類の歴史におけるヒトと環境との相互関係の変遷を通して、社会・経済・文化の変容を考察する研究を行っております。約15000年前の人類の定住化と、約12500年前ドメスティケーション（栽培化、家畜化）は人類史における最も重要な変化であり、文明社会の発達を可能にしました。一方、人類活動が生態系に与える負荷は増大し、現在に至る地球環境問題の原因となりました。過去・現在・未来の人類と環境の総合的な理解を目指し、栽培化と家畜化の起源地の一つであるトルコ南東部ほか西アジア各地で調査を行い、考古学、分子遺伝学、環境科学、行動生態学、文化人類学などの分野の研究者と共同研究をしています。ドメスティケーションは、ヒトと動植物の共進化的な変化であり、生物学的な側面とヒトの文化的な側面の両面からその過程の詳細を明らかにすることをめざしています。



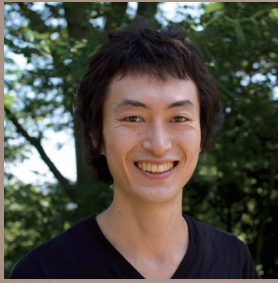
ヒツジ頭蓋



ヒツジ搾乳

代表的な論文、著書等

- 1 本郷一美 (2019)「ヒツジ・ヤギの家畜化」畜産の研究73 (10) :853-862.
- 2 本郷一美 (2018)「家畜化は肉食に貢献したか - 狩猟から牧畜への肉食行為の変化 -」野林厚志編『肉食行為の研究』, pp.178-200. 平凡社.
- 3 本郷一美 (2018)「西アジア動物考古学による家畜化過程に関する研究の進展」季刊考古学144号『動物考古学の今』, pp. 69-73. 雄山閣.
- 4 本郷一美・丹野研一 (2017)「西アジアにおける動物、植物のドメスティケーション(家畜化、栽培化)」季刊 考古学 141 号『西アジア考古学・最新研究の動向』pp. 37-40.



生物人類学、生物考古学、霊長類学

いろいろな「わたしたち」の多様な
生きざまや進化過程を調べる

蔦谷 匠 助教
Takumi Tsutaya

研究キーワード

自然人類学、生物考古学、霊長類学、安定同位体分析、(古代)プロテオミクス、古代DNA分析、R言語、フィールドワーク、オランウータン



経歴

東京都立大学・理学部卒。東京大学大学院・新領域創成科学研究科修了。日本列島の過去の授乳習慣の復元の研究で生命科学博士取得。専門は自然人類学。京都大学、海洋研究開発機構でのポストドクを経て、2020年より現職。趣味は海外文学と自転車。

所属学会

日本人類学会、日本霊長類学会

志望者へメッセージ

本研究室には以下4点の特徴があります。進学や研究員に興味を持たれた方はお気軽にご連絡下さい。

1. 調査地でのフィールドワークから実験室でのラボワークまで、様々なアプローチが利用できます。
2. 人類の進化・適応を核となる研究課題に据えています。
3. 分野横断的・文理融合的で、多様な研究分野を横断した議論ができます。
4. 研究と人生の両立を本気で支援します。

E-mail

tsutaya_takumi@soken.ac.jp

URL

<https://sites.google.com/view/anthr/>

研究詳細QR



分野横断・文理融合的にさまざまな手法を利用して、わたしたちヒト科(ホモ・サピエンスや進化的に近い霊長類)の生きざまやライフヒストリーや進化過程を復元しています。

人類や霊長類の個体がどのように生まれ、成長し、毎日を過ごし、子供を産んだり産まなかったりして、そして亡くなっていったか？ そうした人生を明らかにすることで、文化や自然環境の違いがわたしたちの生きざまに与える影響を調べ、ひとりひとりの生きざまの違いが長い時間軸での進化適応や大きな社会情勢にどう影響していくのかを明らかにしようとしています。具体的には、考古学、古生物学、霊長類生態学などの研究分野で得られた標本や資料に対して、安定同位体分析、(古代)プロテオミクス、古代DNA分析などを適用することでデータを得ます。そうしたデータを、生態学、歴史学、進化学などの枠組みで解釈して議論します。こうしたアプローチにより、熱帯雨林におけるチンパンジーやオランウータンの暮らし、縄文時代から江戸時代までの過去のヒトの子育ての実態、ヒト科の生物の経験した進化過程などを復元しています。



遺跡から発掘された約1千年前のイヌの頭蓋骨



野生オランウータンのアカンボウ



古代分子分析専用のクリーンラボ

代表的な論文、著書等

- ① Tsutaya T, Mizushima N. in press. Evolutionary biological perspectives on current social issues of breastfeeding and weaning. *Yearbook of Biological Anthropology*. doi: 10.1002/ajpa.24710.
- ② Tsutaya T, Wong A, Malim PT, Bernard H, Ogawa NO, Ohkouchi N, Hongo S, Tajima T, Kanamori T, Kuze N. 2022. Stable isotopic investigation of the feeding ecology of wild Bornean orangutans. *American Journal of Biological Anthropology* 179: 276–290.
- ③ Tsutaya T, Mackie M, Sawafuji R, Miyabe-Nishiwaki T, Olsen JV, Cappellini E. 2021. Faecal proteomics as a novel method to study mammalian behaviour and physiology. *Molecular Ecology Resources* 21: 1808–1819.
- ④ Tsutaya T, Meaghan M, Koenig C, Sato T, Weber AW, Kato H, Olsen JV, Cappellini E. (2019) Palaeoproteomic identification of breast milk protein residues from the archaeological skeletal remains of a neonatal dog. *Scientific Reports* 9: 12841. doi: 10.1038/s41598-019-49183-0
- ⑤ Tsutaya T, Shimatani K, Yoneda M, Abe M, Nagaoka T. (2019) Societal perceptions and lived experience: infant feeding practices in premodern Japan. *American Journal of Physical Anthropology* 170: 484–495. doi: 10.1002/ajpa.23939



動物行動学、行動生態学、霊長類学

動物はどのように生きて、何を考えているのだろうか

沓掛 展之 教授
Nobuyuki Kutsukake

研究キーワード

行動, 社会, 生態, 認知, 進化, 脊椎動物



経歴

大学院では霊長類の社会行動を研究。その後、哺乳類を中心とする脊椎動物の行動、生態、認知、進化を研究。

所属学会

動物行動学会、進化学会

志望者へメッセージ

大学院生の研究テーマ・研究対象は基本的に自由で、自主的な研究提案を尊重しています（放任という意味ではありません）。動物が好きで、自主的に研究を行いたい学生と一緒に研究することを楽しみにしています。

E-mail

kutsu@soken.ac.jp

URL

<https://sites.google.com/view/nkutsukake/>

<https://sites.google.com/site/sokendarwin>

研究詳細 QR



動物を観察していると「動物はどんな暮らしをしているのだろうか?」「動物は何をを考えているのだろうか?」などの多くの疑問が生じます。我々ヒトとは似ても似つかない動物が、時間を遡ると同じ存在であったことを考えてみます。その時間の長さをうまく理解することはできないが、分岐した後、あちら側とこちら側で、なぜ、これほど違う存在になったのだろうかという疑問を持ちます。これらの疑問は、動物の行動や生態を分析し、動物の「生き様」を進化生物学的に考えることで、ある程度、解決できます。これまで哺乳類を中心として、鳥、両生類、魚などの脊椎動物を対象に研究を行ってきました(爬虫類はまだ、誰か一緒にやりましょう)。具体的には、野生動物が息するフィールドに滞在し、それぞれの個体に名前をつけて、彼らの行動を日々記録するという地道な作業を行います。データを積み重ねることによって、動物の社会がどのように成り立っていて、それぞれの個体の行動にはどのような意味があるのかを理解することができます。長野のニホンザル、タンザニアのチンパンジー、カラハリのミーアキャット。研究してきた動物一頭一頭の姿や振る舞いは、今でも鮮明に思い出すことができます(ハダカデバネズミはみな同じに見えるのでよく思い出せません)。研究対象が夢に出てくるほど研究対象をじっくりと観察することが、動物を理解する王道であると思います。その一方で、自分の研究対象にとられる事なく、多くの動物に共通して当てはまる理論を考える事が、動物を理解するうえで効率的な戦略です。現在の進化的行動生態学は、自然誌(ナチュラルヒストリー)や古典的動物行動学の成果に、一般的理論からの予測と検証が加わって美しく発展してきました。この分野の発展に貢献するような一般的理論を発見できればと考えています。



豪雪地帯のニホンザル



真社会性のハダカデバネズミ



カラハリのミーアキャット

代表的な論文、著書等

- 1 Nomano FY, Kutsukake N. 2022. Aggression induced by ornament similarity is limited to females in a mutually ornamented fish, *Betta brownorum*. *Anim Behav* 190, 233-240.
- 2 Haba Y, Kutsukake N. (2019) A multivariate phylogenetic comparative method incorporating a flexible function between discrete and continuous traits. *Evolutionary Ecology* 33: 751-768. doi: 10.1007/s10682-1019-10011-6
- 3 Hasegawa M, Kutsukake N. (2019) Kin selection and reproductive value in social mammals. *Journal of Ethology*. 37: 139-150. doi: 10.1007/s10164-019-00586-6
- 4 Takeda FK, Hiraiwa-Hasegawa M, Kutsukake N. (2019) Uncoordinated dances associated with high reproductive success in a crane. *Behavioral Ecology* 30: 101-106. doi: 10.1093/beheco/ary159
- 5 Ito MH, Yamaguchi M, Kutsukake N. (2018) Redirected aggression as a conflict management tactic in the social cichlid fish *Julidochromis regani*. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 285: 2017.2681. doi: 10.1098/rspb.2017.2681
- 6 Mizuno K, Irie N, Hiraiwa-Hasegawa M, Kutsukake N. (2016) Asian elephants acquire inaccessible food by blowing. *Animal Cognition*.19: 215-222. doi: 10.1007/s10077-015-0929-2
- 7 沓掛展之・古賀庸憲 2012 行動生態学 共立出版

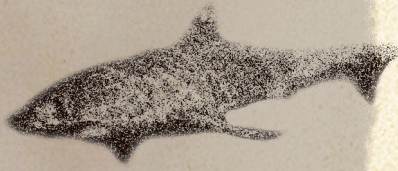


生態学、海洋生物学

海洋動物の行動、生態、生理を計測し、理解する

渡辺 佑基 教授
Yuuki Watanabe

研究キーワード
 バイオロギング, 行動生態, サメ,
 アザラシ



経歴

2002 年東京大学農学部卒。
 2007 年同大学院農学生命科学
 研究科博士課程修了（農学博士）。
 日本学術振興会特別研究員を経
 て、2008 年国立極地研究所助教。
 2015 年同准教授。2023 年より
 現職。

所属学会

日本バイオロギング研究会

志望者へメッセージ

総研大葉山キャンパスの中で、最
 も「海色」の濃い研究室です。国
 内外の海で大型海洋動物の生態研
 究を進める大学院生を募集しま
 す。研究対象種に関しては様々な
 制限がありますので、興味のある
 方はまずメールをください。野外
 調査とデスクワークのバランスの
 よい、言い換えれば頭と体が両方
 動く研究者を目指して欲しいと思
 います。

E-mail

watanabe_yuuki@soken.ac.jp

URL

<https://rcies.soken.ac.jp/labs/ywatanabe/>

研究詳細 QR



動物の体に計測機器を取り付ける「バイオロギング」の手法を使って、海洋動物（大型魚類、海鳥類、海生哺乳類）の生態を調べています。最新鋭の機器を使うことで、動物の行動パターンだけでなく、周囲の環境や体内の状態（体温、心拍数等）までをも計測することが可能です。また、ビデオカメラを動物の背中に取り付けて「動物目線」の映像を記録し、動物が海の中で何をしているのかを調べることもできます。野外調査で集めたそのようなデータを解析し、他の手法や文献データと適宜組み合わせながら、当該種の行動パターンや生理様式の進化を促した生態的意義（究極要因）を探るのが主要なアプローチです。かつてはアザラシやペンギンの研究に力を入れていましたが、現在はサメ類を始めとする大型魚類の研究が多くなっています。国内では高知や沖縄、国外では台湾、カナダ、オーストラリア等で野外調査を行っています。それにくわえ、総研大葉山キャンパスから近い相模湾での野外調査も始めています。バイオロギングの手法を使った研究では、機器の発展がとても重要です。そのため、世界をあっと驚かせるデータの取得を目指し、国内のメーカーと連携して研究を進めています。



バイオロギング機器を取り付けたホホジロサメ



ヒラシユモクザメを調査中（写真提供：R. Snow）

代表的な論文、著書等

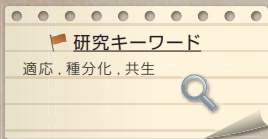
- ① Watanabe YY and Payne NL (2023) Thermal sensitivity of metabolic rate mirrors biogeographic differences between teleosts and elasmobranchs. *Nature Communications* 14:2054. doi:10.1038/s41467-023-37637-z
- ② Watanabe YY, Papastamatiou YP (2023) Biologging and biotelemetry: tools for understanding the lives and environments of marine animals. *Annual Review of Animal Biosciences* 11:247-267. doi: 10.1146/annurev-animal-050322-073657
- ③ Watanabe YY, Baranov EA, and Miyazaki N (2020) Ultrahigh foraging rates of Baikal seals make tiny endemic amphipods profitable in Lake Baikal. *Proc Natl Acad Sci USA* 117:31242-31248. doi:10.1073/pnas.2014021117
- ④ Watanabe YY, Ito K, Kokubun N, and Takahashi A. (2020) Foraging behavior links sea ice to breeding success in Antarctic penguins. *Science Advances* 6:eaba4828. doi:10.1126/sciadv.aba4828
- ⑤ 渡辺佑基「ペンギンが教えてくれた物理のはなし」（河出書房新社）



適応と種分化を主とした生物進化の研究

生物多様性創出を探る

寺井 洋平 准教授
Yohey Terai



経歴

東京工業大学 生命理工学研究科
修士(理学)
日本学術振興会特別研究員、東京
工業大学 生命 GCOE 特任助教
などを経て現職

所属学会

日本進化学会
日本霊長類学会
Society for Molecular Biology
and Evolution

志望者へメッセージ

「鶏口牛後」
生物進化に興味があり、自分の研
究テーマを独立して行いたいな
ら、統合進化科学コースで研究し
ましょう。

E-mail

terai_yohei@soken.ac.jp

URL

http://adaptive-speciation.com
https://researchmap.jp/speciation

研究詳細 QR



現在地球上には膨大な数の生物の「種」が生息しており、お互いに相互作用することによって生物の多様性を作り出しています。この生物多様性は1つの種が2つの種に分かれる「種分化」の過程と、生物が生息環境で生き残る「適応」の過程を経て獲得されてきました。私たちは生物の適応と種分化の機構を明らかにするために、主に以下の4つの研究に注力しています。

○種分化:ゲノムからのアプローチ

ゲノム解析からスラウェシ島固有の7種のマカクやサンゴの種分化の研究をしています。

○共生による適応

火山ガスの噴出する付近にのみ生育する地衣類のイオウゴケをモデルに、共生により新たな環境に適応する機構を研究しています。

○ヒト環境への適応

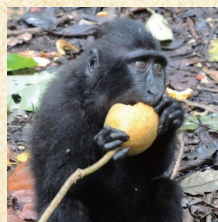
ニホンオオカミと古代犬の古代ゲノムからイヌの起源とイヌがどのようにしてヒトとの生活環境に適応してきたかを研究しています。

○光環境への視覚の適応

魚類や爬虫類を用いて水中の異なる光環境に生物がどのように視覚を適応してきたかを研究しています。



ニホンオオカミ/日本犬ゲノム



スラウェシマカクの種分化



視覚の環境適応と種分化



地衣類の共生による環境適応

代表的な論文、著書等

- 1 Gojobori J, Arakawa N, Xiayire X, Matsumoto Y, Matsumura S, Hongo H, Ishiguro N, Terai Y. The Japanese wolf is most closely related to modern dogs and its ancestral genome has been widely inherited by dogs throughout East Eurasia. doi: bioRxiv, (2021), doi.org/10.1101/2021.10.10.463851
- 2 Kono M, Kon Y, Ohmura Y, Satta Y, Terai Y(2020) In vitro resynthesis of lichenization reveals the genetic background of symbiosis-specific fungal-algal interaction in *Usnea hakonensis*. *BMC Genomics*, 21:671 doi: 10.1186/s12864-020-07086-9
- 3 Arakawa N, Utsumi D, Takahashi K, Matsumoto-Oda A, Nyachio A, Chai D, Jillani N, Imai H, Satta Y, Terai Y(2019) Expression changes of structural protein genes may be related to adaptive skin characteristics specific to humans. *Genome Biology and Evolution* 11:613-628. doi: 10.1093/gbe/evz007
- 4 Shiho Takahashi-Kariyazono, Kazuhiko Sakai, Yohey Terai(2018) Presence-absence polymorphisms of highly expressed FP sequences contribute to fluorescent polymorphisms in *Acropora digitifera*. *Genome Biology and Evolution*, 10:1715-1729. doi:10.1093/gbe/evy122
- 5 Terai Y, Miyagi R, Aibara M, Mizoiri S, Imai H, Okitsu T, Wada A, Takahashi-Kariyazono S, Sato A, Tichy H, Mrosso HDJ, Mzighani SI, Okada N (2017) Visual adaptation in Lake Victoria cichlid fishes: depth-related variation of color and scotopic opsins in species from sand/mud bottoms *BMC Evolutionary Biology* 17: 200. doi: 10.1186/s12862-020-01725-1



神経行動学・視覚生態学

チョウの感覚世界を体験する

木下 充代 准教授
Michiyo Kinoshita

研究キーワード

訪花行動, 鱗翅目昆虫, 視覚, 嗅覚, 神経情報処理, 認知, 脳



経歴

横浜市立大学大学院 博士(理学), 日本学術振興会博士特別研究員・キャンボンフェロー(マールブルグ大・ドイツ)を経て現職。生き物と遊び、生き物から学ぶをモットーに研究を進めている。

所属学会

日本動物学会
日本比較生理生化学会
国際神経行動学会

志望者へメッセージ

神経行動学は、行動の観察から彼らの知覚している世界を推測し、さらにその背景にある神経系の仕組みを様々な実験生物学的研究によって明らかにすることを目指している分野です。学生時代に、生きている動物と直接対峙するこの研究分野の醍醐味を存分に味わってほしいと思います。

E-mail

kinoshita_michiyo@soken.ac.jp

URL

<https://sites.google.com/view/soken-biology-of-butterfly-j/>

研究詳細QR



動物が感じている世界は、我々ヒトとは随分違ってしています。その彼らの感じている主観的な世界を明らかにする分野のひとつが、行動の神経科学(神経行動学)です。

私たちは「チョウの訪花行動を対象とした生物学」をテーマに、これまでアゲハチョウの視覚知能力とその感覚器である複眼の仕組みを調べてきました。アゲハチョウは人を凌駕するほど非常鋭い色覚を持ち、一方明るさや偏光の振動も見分ける能力があります。一方視覚情報の最初の入り口である複眼には、6種類もの異なる色受容細胞が複雑な構成で並んでいます。これらの知見をもとに、現在はより高次の視覚情報処理機構・嗅覚と視覚の統合に関わる研究を進めています。

最近、鱗翅目昆虫を対象とした脳の比較と、アゲハチョウが野外で訪れる花とその見え方を明らかにする研究を立ち上げました。感覚系の多様性と環境適応の理解は、訪花行動の進化を理解するに大切な知見となるからです。特に視覚生態学的研究では、花と訪花昆虫の共進化の理解に繋がる知見を得られることを期待しています。



色恒常性を調べる行動実験風景。実験室(左)、黄色を学習したアゲハチョウは、照明光が白色光(上)でも赤色光でも黄色の色紙の上で蜜を採る様子。この構造はアゲハ色覚の鋭さと関係していると考えている。

アゲハチョウの頭部外形(左)、頭部神経節(脳)、神経叢三次元脳マップ

代表的な論文、著書等

- ① Kinoshita M, Arikawa K. (2023) 'Color' processing in the butterfly visual system. *Trends in Neuroscience*. 46: 338-340
- ② Céchetto C, Arikawa K, Kinoshita M. (2022) Motion-sensitive neurons activated by chromatic contrast in a butterfly visual system. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*. 377: 10.1098/rstb.2021.0277
- ③ Kinoshita M, Stewart J. F. (2022) Cortical-like colour-encoding neurons in the mushroom body of a butterfly. *Current Biology*. 32: 114-15
- ④ Kinoshita M, Stewart FJ (2020) Retinal organization and visual abilities for flower foraging butterflies. *Current Opinion of Insect Science*. 42:76-83. doi: 10.1016/j.cois.2020.09.009
- ⑤ Kinoshita M, Stewart FJ, Ômura H. (2017) Multisensory integration in Lepidoptera: insight into flower-visitor interactions. *Bioessays*. 39 (4): 1600086 doi: 10.1002/bies.201600086



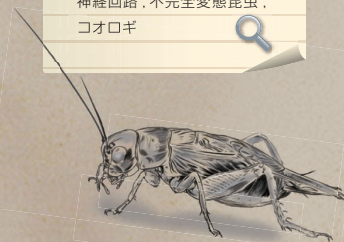
神経進化発生学

原始的な昆虫の脳の発達メカニズムの研究から 昆虫神経系の進化を解き明かす

渡邊 崇之 助教
Takayuki Watanabe

研究キーワード

脳の発達, 社会行動, 性的二型
神経回路, 不完全変態昆虫,
コオロギ



経歴

北海道立札幌北高校卒。
北海道大学理学部・理学研究科を卒業。
東京大学理学系研究科生物科学専攻で博士号を取得。
日本学術振興会特別研究員、北海道大学理学研究院学術研究員などをを経て、2020年10月より現職。
専門は神経遺伝学、分子進化学。

所属学会

日本動物学会、日本進化学会、
ニューロエソロジー談話会

志望者へメッセージ

2020年秋より総研大に着任し、新たな環境で研究をスタートしました。分子・神経回路・行動そして進化までを包括的に理解するために、地に足のついた研究を進めていきます。コオロギの分子遺伝学という萌芽的な研究アプローチを武器に、脳の発達・変態や性行動の進化など、さまざまな視点から昆虫脳の進化を理解していきたいと考えています。

E-mail

watanabe_takayuki@soken.ac.jp

URL

http://researchmap.jp/
TakayukiWatanabe/

研究詳細QR



昆虫を含む多くの動物は、成体へと至る過程で変態という発生学的プロセスを経て、ボディプランをダイナミックに変化させます。

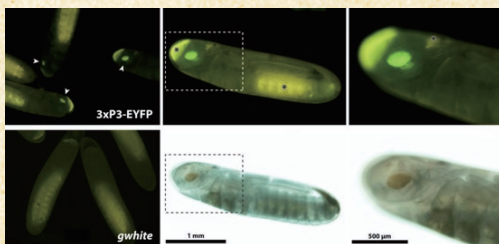
変態を介した新たなボディプランの獲得には神経系の再編成が必要となります。

ショウジョウバエやハチなどの完全変態昆虫では、蛹期に起こる神経系の大規模な再編成を経て、成虫としての神経系を獲得します。蛹期を持たない不完全変態昆虫では大規模な神経系の構造的変化は起こりませんが、成虫は幼虫期には見せなかった配偶行動などの新たな行動を示すようになります。この行動獲得には、神経回路の構造的・機能的再編成が必要だと考えられますが、それがいつ、どの程度の規模で、どのような分子・細胞メカニズムにより引き起こされるのかは全く明らかになっていません。

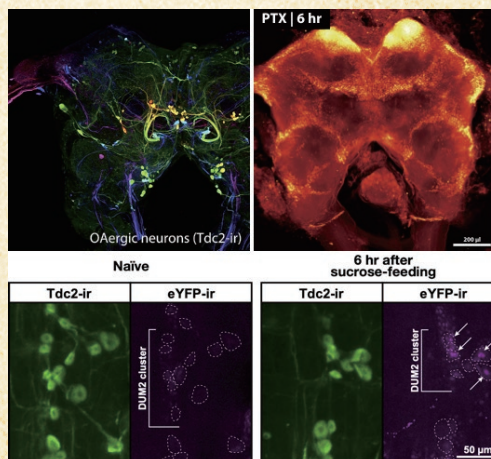
私たちは不完全変態昆虫を材料に、「成虫の示す社会行動（求愛や配偶行動）を司る神経基盤が脳の変態を経てどのように発達していくのか？」というテーマを軸に、分子遺伝学的方法を積極的に活用した研究を進めています。



The congenial strain of white-eye mutant (Hokudai gwhite strain)
主要な研究材料のフタホシコオロギの写真



遺伝子導入をしたコオロギ(卵)の蛍光顕微鏡写真



コオロギ脳の蛍光顕微鏡写真

代表的な論文、著書等

- 1 T. Watanabe. (2019) Evolution of the neural sex-determination system in insects: does *fruitless* homolog regulate neural sexual dimorphism in basal insects? *Insect Molecular Biology*. 28:807-827. doi: 10.1111/imb.12590
- 2 T. Watanabe, A. Ugajin, H. Aonuma. (2018) Immediate-early promoter-driven transgenic reporter system for neuroethological researches in a hemimetabolous insect. *eNeuro*. 5:e00061-18.2018. doi: 10.1523/ENEURO.0061-18.2018
- 3 T. Watanabe, H. Aonuma. (2013) Tissue-specific promoter usage and diverse splicing variants of the *found in neurons*; an ancestral Hu/ELAV-like RNA binding protein gene of insects, in a direct developing-insect *Gryllus bimaculatus*. *Insect Molecular Biology*. 23:26-41. doi: 10.1111/imb.12057.
- 4 T. Watanabe, H. Takeuchi, T. Kubo. (2010) Structural diversity and evolution of the N-terminal isoform-specific region of ecdysone receptor-A and -B1 isoforms in insects. *BMC Evol Biol*. 10:40. doi: 10.1186/1471-2148-10-40



進化発生生物学

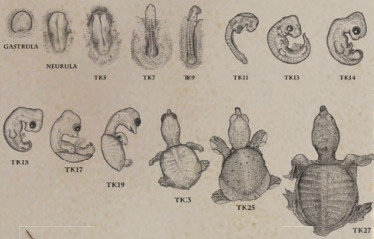
発生進化の法則性の解明

— 動物の表現型システムに内在する進化可能性を探る —

入江 直樹 教授
Naoki Irie

研究キーワード

進化発生生物学、動物進化学、進化可能性、発生拘束、バイオインフォマティクス、分子生物学



経歴

2008年 京都大学大学院医学研究科博士課程修了(医学博士)。京都大学先天異常標本解析センター、理化学研究所発生再生総合科学研究センター研究員、東京大学大学院理学系研究科准教授を経て、2023年より統合進化科学研究センター(SOKENDAI)教授。

所属学会

AsiaEvo, The European Society of Evolutionary Developmental Biology, International Society of Developmental Biology, 日本進化学会、日本発生生物学会、日本分子生物学会、日本動物学会、日本遺伝学会

志望者へメッセージ

それぞれの研究室メンバーの興味に応じて、自由な発想で方法論にもとらわれずサイエンスを楽しんでいます。興味がある方は遠慮なく連絡ください。

E-mail

irie_naoki@soken.ac.jp

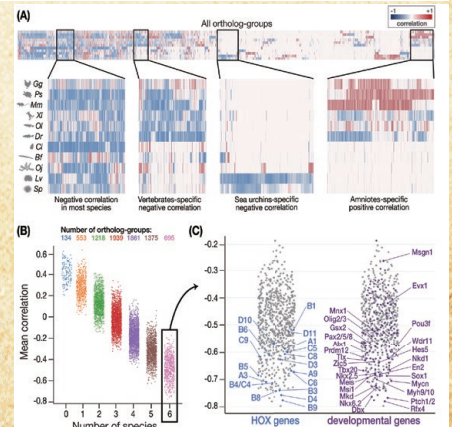
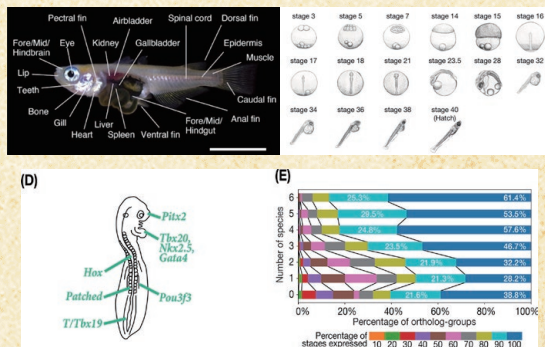
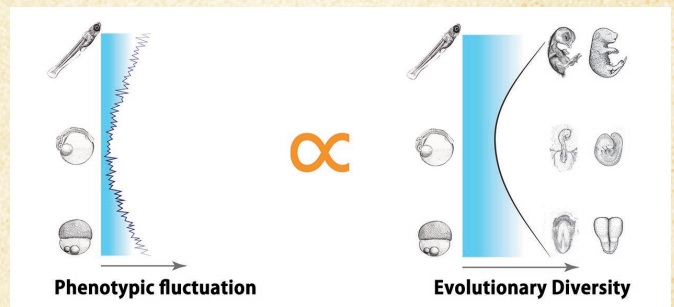
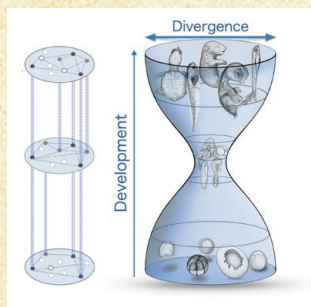
URL

https://rcies.soken.ac.jp/labs/irie/

研究詳細QR



生物の特徴(表現型)の進化は、完全に変幻自在ではなく、進化を通して変化しやすい特徴とそうでないものがあります。なぜそうした差異が生じるのでしょうか。単純に自然選択により正の選択を強くうけた特徴とそうでない特徴という差が原因かもしれません。一方で、表現型によって、そのシステム内部の特性が原因でバリエーションをそもそも生み出しにくく、多様化しにくかった可能性もあります。実際、この可能性を支持する近年の理論・実験的も得られつつあります。ではどういったメカニズムでこうしたバリエーションの生み出しにくさに差異が生じるのでしょうか。研究室では、動物などを対象に実験や大規模情報解析など様々な手法を使ってこの疑問に答えていこうと挑戦を続けています。最終的には、歴史学としての側面が主だった進化学を、どういった表現型が進化しやすいのかといった予測性をもった学問分野に変えることに貢献したいと考えています。



代表的な論文、著書等

- 1 Hu H., et al. (2017) Constrained vertebrate evolution by pleiotropic genes. *Nature Ecology and Evolution* 1:1722–1730. doi:10.1038/s41559-017-0318-0
- 2 Seki R., et al. (2017) Functional roles of Aves class-specific cis-regulatory elements on macroevolution of bird-specific features. *Nature Communications* 8:14229. 10.1038/ncomms14229
- 3 Green R., et al. (2014) Three crocodylian genomes reveal ancestral patterns of evolution among archosaurs. *Science* 346:1254449. doi:10.1126/science.1254449
- 4 Wang Z., et al. (2013) The draft genomes of soft-shell turtle and green sea turtle yield insights into the development and evolution of the turtle-specific body plan. *Nature Genetics* 45:701-706. doi:10.1038/ng.2615
- 5 Naoki N. and Kuratani S. (2011) Comparative transcriptome analysis reveals vertebrate phylotypic period during organogenesis. *Nature Communications* 2:248. doi:10.1038/ncomms1248



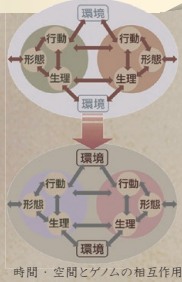
ゲノム集団遺伝学・生理進化学

食べ物と消化酵素の進化、毒物と解毒遺伝子の進化、
社会性と精神疾患関連遺伝子の進化など、
ヒトのゲノム進化は人の文化や社会により駆動されている。

颯田 葉子 教授
Yoko Satta

研究キーワード

1000人ゲノムデータベース、出アフリカ、人類進化、乳糖分解酵素活性持続、チトクロームP450、精神疾患



経歴

学位取得後、免疫に関与する遺伝子の分子進化の研究を遂行した。その過程で、環境とゲノムの関わりについて興味を持ち、特に人の文化や社会がヒトのゲノムの進化に及ぼす影響に興味を持つようになった。現在は、食物、毒物、文化変容がヒトのゲノム進化に与えた影響に興味を持って研究を進めている。

所属学会

日本遺伝学会、日本進化学会、日本人類学会、日本霊長類学会、日本分子生物学会、日本免疫学会、Society of Molecular Biology and Evolution

志望者へメッセージ

ヒトの様々な民族のゲノムや古代ゲノムデータが入手可能であり、その進化を解析するために必要な方法が多数開発されている。材料と方法は揃っている。それらを使って、「どんな問い」を発することができるかが、研究のキーになる。面白い問題と一緒に見つけ、その謎をといていきましょう。

E-mail

satta@soken.ac.jp

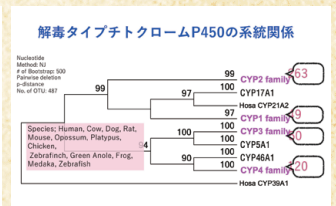
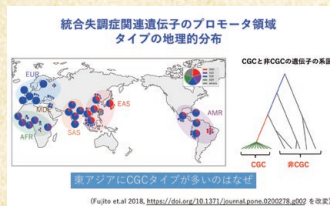
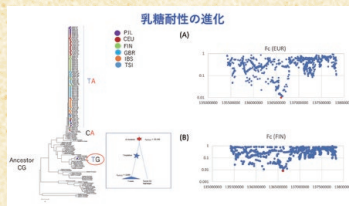
URL

<https://sites.google.com/site/sattalab>

研究詳細QR



約6万年前の出アフリカ以後、世界に拡散した現生人類ホモ・サピエンスは多様な外的環境に適応するとともに、地域特異的な文化を発展させました。乳糖分解酵素や統合失調症関連遺伝子に見られるように、自ら生み出した文化という強い「内的環境」は、自然選択の新たな原因となり、類例を見ない進化をヒトゲノムに引き起こしました。このことは逆に、ゲノムに刻まれた自然選択のシグナルから、“文化駆動的”な進化(文化が自然選択圧となる進化)の痕跡を検出し得ることことを示しています。この痕跡を検出するために、(1)代謝酵素遺伝子群、(2)解毒酵素遺伝子群、(3)精神疾患関連遺伝子群の3つに焦点を当て、進化学的な研究を進めています。特に解毒酵素遺伝子群の変異は、現代の生活では欠かせない香辛料やコーヒーなどの嗜好品の代謝や、薬の代謝速度にも大きく関わってきています。この様な遺伝子群の歴史を明らかにすることは、我々の存在そのものを問うことにもつながっていきます。



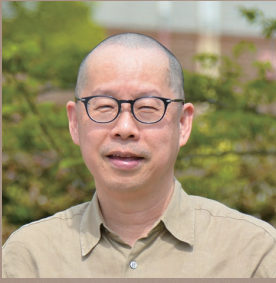
乳糖分解酵素が成人になっても作られる変異 (TA) がどの様にして生まれてきたかを示しています(左の図)。赤とオレンジで示した点はそれぞれTAのTとAですが、これらの変異が自然選択の標的になっていることを示しています(右の図)。

世界各地での4種類のプロモータータイプの頻度を示しています。CGCタイプが東アジアに多いことがわかります。このCGCと非CGCタイプの系統関係は右の図のようになっており、CGCタイプに自然選択が働いていることを示しています。

様々な動物種の解毒酵素遺伝子チトクロームP450のDタイプの系統関係を示しています。基本的に、CYP1からCYP4の4つのグループに分かれます。

代表的な論文、著書等

- Satta Y, RL Iwasaki (2023) Spatial and temporal diversity of positive selection on shared haplotypes at the PSCA locus among worldwide human populations. *Heredity* (in press)
- Lau Q, T Igawa, H Ogino, Y Katsura, T Ikemura, Y Satta, (2020) Heterogeneity of synonymous substitution rates in the *Xenopus* frog genome. *PLoS ONE* 15(8): e0236515. doi: 10.1371/journal.pone.0236515.
- Iwasaki RL, K Ishiya, H Kanzawa-Kiriyama, Y Kawai, J, Gojobori, Y Satta, (2020) Evolutionary History of the Risk of SNPs for Diffuse-Type Gastric Cancer in the Japanese Population. *Genes*, 11(7), 775. doi: 10.3390/genes11070775
- Satta Y, N. Takahata, (2020) Population genomics on the origin of lactase persistence in Europe and South Asia. *BioRxiv*. doi: 10.1101/2020.06.30.179432 *Archivo per l'Antropologia e la Entologia* Volume CL :99-117.
- Satta Y, W. Zheng, KV, Nishiyama, RL, Iwasaki, T. Hayakawa, NT. Fujito, N. Takahata, (2019) Two-dimensional site frequency spectrum for detecting, classifying and dating incomplete selective sweeps. *Genes and Genetic Systems*. 94:283-300. doi: 10.1266/ggs.19-00012
- Fujito NT, Y. Satta, M. Hane, A. Matsui, K. Yashima, K. Kitajima, C. Sato, N. Takahata, T. Hayakawa, (2018) Positive selection on schizophrenia-associated ST8SIA2 gene in post-glacial Asia. *PLoS ONE* 13(7): e0200278. doi: 10.1371/journal.pone.0200278



分子進化学

脊椎動物における免疫の進化や植物における生殖の進化などを例に生物システムの進化を分子レベルで探る。

大田 竜也 准教授
Tatsuya Ota

研究キーワード
分子進化、免疫、自家不和合性、ゲノム解析、トランスクリプトーム解析



経歴

京都大学農学部卒 (1987)。
ペンシルベニア州立大学 PhD 取得 (1994)。ポストン大学 研究員 (1994-1999)、総合研究大学院大学 助手 (1999-2006)、2006 年より現職。一般社団法人日本進化学会理事

所属学会

日本進化学会
日本育種学会
Genetics Society of America
Society of Molecular Biology and Evolution

志望者へメッセージ

大学院は研究を中心とした人生の始まりです。今後の研究生生活につながるテーマと一緒に探しませんか？

E-mail

ota@soken.ac.jp

URL

http://researchmap.jp/tota/

研究詳細 QR

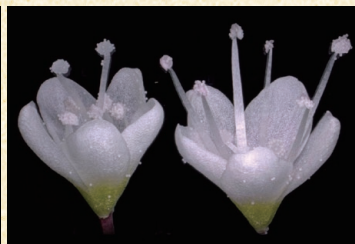


様々な生物種でゲノムやトランスクリプトーム等のオミックス解析が進むにつれ、遺伝子の複雑な発現産物であるシステムとして生物を調べ、その進化を理解することが可能な時代になりつつあります。我々は、「どのように個々の遺伝子における突然変異が表現型の変化につながり自然選択の対象となってきたのか?」「様々な遺伝子での突然変異を通じていかに複雑なシステムが構築されてきたのか?」このような問題を集団遺伝学および分子進化学の観点から解明することを目指しています。

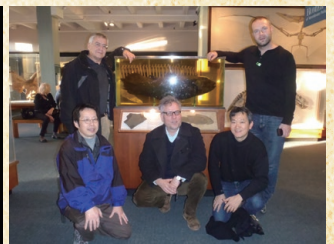
現在は(1)脊椎動物の免疫の進化、特に魚類等の脊椎動物の適応免疫および自然免疫の進化、(2)栽培植物(アズキ、ソバなど)の起源および栽培化に伴うゲノム進化(3)ソバを含むタデ科植物における生殖システムの進化、等の研究を行っております。



フツウソバの長柱花と短柱花



シロバナサクラタデの長柱花と短柱花



シールカンスゲノムプロジェクトの研究者とともに

代表的な論文、著書等

- 1 A.W. Thompson et al., (2021) The bowfin genome illuminates the developmental evolution of ray-finned fishes. *Nature Genetics* 53, 1373-1384. doi:10.1038/s41588-021-00914-y
- 2 I. Braasch et al., (2016) The spotted gar genome illuminates vertebrate evolution and facilitates human-teleost comparisons. *Nature Genetics* 48, 427-437. doi: 10.1038/ng.3526
- 3 C.T. Amemiya, J. Alföldi, et al. (2013) The African coelacanth genome provides insights into tetrapod evolution. *Nature* 496, 311-316. doi: 10.1038/nature12027
- 4 T. Ota, J. P. Rast, G. W. Litman, and C. T. Amemiya (2003) Lineage-restricted retention of a primitive immunoglobulin heavy chain isotype within the Dipnoi reveals an evolutionary paradox. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 100, 2501-2506. doi: 10.1073/pnas.0538029100
- 5 T. Ota, and M. Nei (1994) Divergent evolution and evolution by the birth-and-death process in the immunoglobulin V(H) gene family. *Molecular Biology and Evolution* 11, 469-482. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040127

分子進化学・集団遺伝学・自然人類学

遺伝的多様性からヒトの進化を解明する。



五條堀 淳 講師
Jun Gojobori

研究キーワード
ヒト, 進化, 適応, 遺伝的多様性, 集団史



経歴

東京大理学部生物学科人類学課程卒。
米国シカゴ大学 Visiting Student を経て、東京大学大学院理学系研究科・生物科学専攻修了。
東京大学大学院理学系研究科、総合研究大学院大学・先端科学研究科でのポストドク、総合研究大学院大学・先端科学研究科・助教を経て2016年より現職。

所属学会

日本人類学会、日本遺伝学会、日本人類遺伝学会、日本進化学会、日本分子生物学会

志望者へメッセージ

当研究室では、主にヒトを対象に分子進化学的手法と集団遺伝学的手法を用いて、その遺伝的多様性と成り立ちを研究しています。全ゲノム塩基配列決定から、確率・統計をベースにした進化の理論、コンピュータを使ったゲノム情報の扱いまで、研究に必要な様々な知識やテクニックを一緒に勉強しましょう。

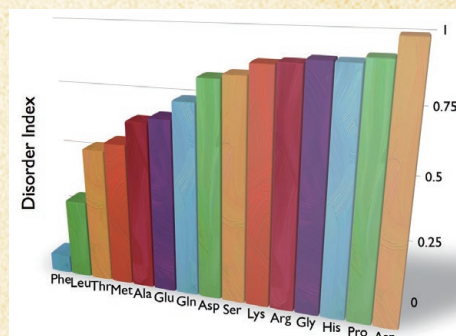
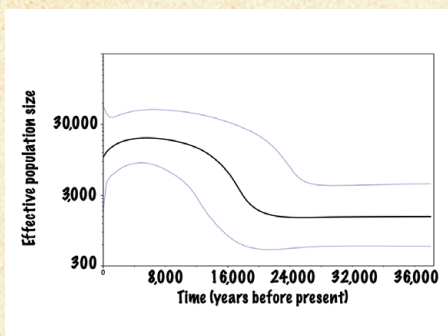
E-mail
gojobori_jun@soken.ac.jp

URL
<https://rcies.soken.ac.jp/labs/gojobori/>

研究詳細 QR



ヒトという種がどのように成り立ったのか？という疑問に対して、2つのアプローチを考えています。そのアプローチとは、「ヒトの種特異的形質の進化を理解する事」と、「アフリカに出現したヒトの世界への拡散の過程を理解する事」の2つです。これらの進化の過程を主に分子進化学的手法と集団遺伝学的手法を用いてDNAレベルで解析します。現在は遺伝子のモチーフの1つである単一アミノ酸リピートに着目して解析を行っています。単一アミノ酸リピートが原因となる遺伝病には、中枢神経系と骨格形成に病変が出るものが多く知られています。これらの病変はヒト特異的形質である脳の大容量化と直立2足歩行に関連する事から、単一アミノ酸リピートの進化がヒトの進化を理解するカギになりうると期待しています。また、日本国内や国外で様々な現代病を含む遺伝病の原因遺伝子のマーカーを探索するプロジェクトが進行中ですが、そこから生まれる大量のヒト遺伝的多型のデータを活用する事で、医学的データの人類進化学への還元を目指します。



Human	L	K	S	F	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	
Chimpanzee	L	K	S	F	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	L
Macaque	L	K	S	F	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q
Mouse	L	K	S	F	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P

単一アミノ酸リピートの例

代表的な論文、著書等

- 1 Mizuno F, Gojobori J* et al. (2021) Population dynamics in the Japanese Archipelago since the Pleistocene revealed by the complete mitochondrial genome sequences. Scientific reports 11:12018-12018.
- 2 Nishiyama KV, Satta Y, Gojobori J* (2020) Do Genes Associated with Dyslexia of Chinese Characters Evolve Neutrally? Genes 11:658.
- 3 Gojobori J* et al. (2015) mtDNA diversity of the Zapotec in Mexico suggests a population decline long before the first contact with Europeans. J Hum Genet 60: 557-559.
- 4 Gojobori J and Ueda S*. (2011) Elevated evolutionary rate in genes with homopolymeric amino acid repeats constituting nondisordered structure. Mol Biol Evol 28:543-550.
- 5 Gojobori J, Tang H, Akey JM, Wu CI*. (2007) Adaptive evolution in humans revealed by the negative correlation between the polymorphism and fixation phases of evolution. PNAS 104:3907-3912

分子細胞遺伝学・染色体生物学

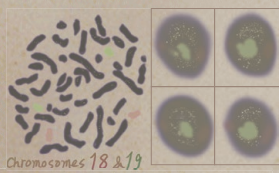
マルチカラーFISH法でみる染色体と細胞核の世界



田辺 秀之 准教授
Hideyuki Tanabe

研究キーワード

染色体, 染色体テリトリー, FISH法, マルチカラーFISH法, 細胞核, 3D-FISH法, 核内配置, ゲノム進化, 核高次構造



経歴

東京大学理学部生物学科（人類学）卒業、同大学院人類学専攻を経て、1998年理学博士（北海道大学 理論学博士）。国立医薬品食品衛生研究所・変異遺伝部研究員、同主任研究官を経て、総合研究大学院大学・先端科学研究科へ。ドイツ・ミュンヘン大学（Thomas Cremer 教授）へ留学（1999-2001年）。

所属学会

染色体学会、日本人類遺伝学会、日本遺伝学会、日本進化学会、日本細胞生物学会、日本分子生物学会、日本癌学会、日本再生医療学会、日本サンゴ礁学会

志望者へメッセージ

FISH法によるマルチカラーの世界に魅かれて、染色体の構造と機能の解析ならびに染色体進化の研究を行っています。ヒトと霊長類が最初の研究対象でしたが、哺乳類、鳥類、爬虫類、両生類、魚類、海産無脊椎動物へと観察対象が拡がりつつあります。染色体はゲノムの鳥瞰図であり、分子と細胞の橋渡しとなる構造体です。ご自身の興味のある生物種の染色体をまず観てみませんか？

E-mail

tanabe_hideyuki@soken.ac.jp

URL

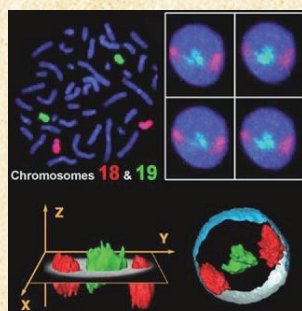
http://researchmap.jp/hayama_nanafushi/

研究詳細QR

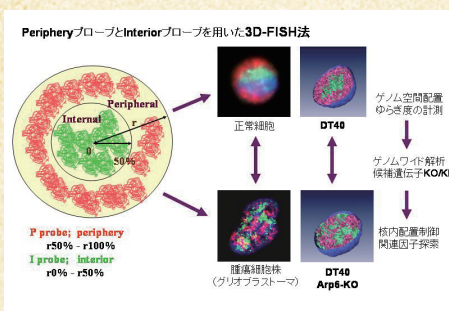


染色体を観察することで、生命の営みの歴史や進化を垣間見ることができ、その生物種のゲノムを俯瞰することが可能です。私は細胞核内の染色体に着目し、染色体や遺伝子の空間配置がどのような仕組みで制御されているのか、各種培養細胞を用いて、FISH法を中心とした分子細胞生物学的なアプローチから探っています。間期核における「染色体テリトリー」は、遺伝子密度や染色体サイズに依存した放射状の核内配置をとっており、発生や細胞分化の過程、生理的な環境変化、老化や腫瘍化などによる遺伝子発現状態の変動に伴って、ダイナミックな動態を示します。染色体テリトリーからDNAに至る階層構造として、コンパートメント、TADs (Topologically Associating Domains)、クロマチン構造が知られており、それぞれの空間配置の制御の仕組みは未知な部分が多く、ゲノム進化や腫瘍化における染色体再編成との詳細な関係性は明らかになっていません。

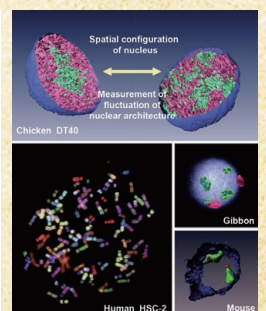
そこで、3D-FISH法、ゲノム編集技術などを駆使し、染色体テリトリーの核内配置分子基盤の解明を目指しています。



3D-FISH法による解析方法の概要



2色FISH法による放射状核内配置解析の概要



ゲノム空間配置のゆらぎ度の計測について

代表的な論文、著書等

- 1 Tanabe H, Kusakabe KT, Imai H, Yokota SI, Kuraishi T, Hattori S, Kai C, Koga A* (2021) The heterochromatin block that functions as a rod cell microlens in owl monkeys formed within a 15 million year time span. *Genome Biology and Evolution* Feb 3:evab021. doi: 10.1093/gbe/evab021.
- 2 Shioda N*, Yamaguchi K, Onozato M, Yabuki Y, Li Y, Shimbo H, Kurosawa K, Tanabe H, Okamoto N, Kondo T, Inoue H, Era T, Sugiyama H, Wada T*, Fukunaga K* (2018) Targeting G-quadruplex DNA as cognitive function therapy for ATR-X syndrome. *Nature Medicine* 24: 802-813. doi: 10.1038/s41591-018-0018-6
- 3 Koga A*, Tanabe H, Hirai Y, Imai H, Imamura M, Oishi T, Stanyon R, Hirai H (2017) Co-opted megasatellite DNA drives evolution of secondary night vision in Azara's owl monkey. *Genome Biology and Evolution* 9: 1963-19702 doi: 10.1093/gbe/evx142
- 4 Nakaya M, Tanabe H, Takamatsu S, Hosokawa M, Mitani T* (2017) Visualization of the spatial arrangement of nuclear organization using three-dimensional fluorescence in situ hybridization in early mouse embryos: A new "EASI-FISH chamber glass" for mammalian embryos. *Journal of Reproduction and Development* 63: 167-174. doi: 10.1262/jrd.2016-172
- 5 Omori S, Tanabe H, Banno K, Tsuji A, Nawa N, Hirata K, Kawatani K, Kokubu C, Takeda J, Taniguchi H, Arahori H, Wada K, Kitabatake Y*, Ozono K (2017) A pair of maternal chromosomes derived from meiotic nondisjunction in trisomy 21 affects nuclear architecture and transcriptional regulation. *Scientific Reports* 7: 764. doi: 10.1038/s41598-017-00714-7
- 6 Kono M*, Tanabe H, Ohmura Y, Satta Y, Terai Y* (2017) Physical contact and carbon transfer between a lichen-forming Trebouxiia alga and a novel Alphaproteobacterium. *Microbiology* 163: 678-691. doi: 10.1099/mic.0.000461



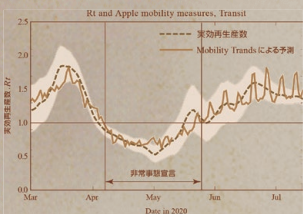
理論生物学

進化予測、進化動態、多様性

佐々木 顕 教授
Akira Sasaki

研究キーワード

病原体、ウイルス、感染症、免疫、進化、共進化、種分化、進化予測、力学系、ゲーム理論、集団遺伝学、空間生態学、群集生態学



経歴

理学博士 (1989)。
九州大学理学部助手 (1989-1996)、
准教授 (1996-2007)。
総合研究大学院大学・教授
(2007- 現在)。
日本数理論生物学会会長 (2017-2018)。
Journal of Theoretical Biology,
Editor-In-Chief (2020- 現在)

所属学会

日本生態学会
日本進化学会
日本数理論生物学会

志望者へメッセージ

生命現象を数理的に解き明かしたい
方は誰でも歓迎します。

E-mail

sasaki_akira@soken.ac.jp

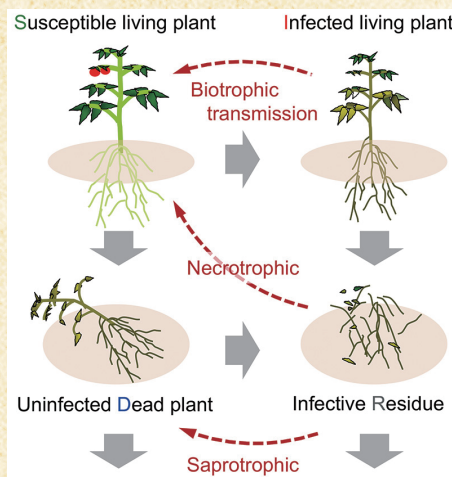
URL

https://researchmap.jp/
AkiraSasaki

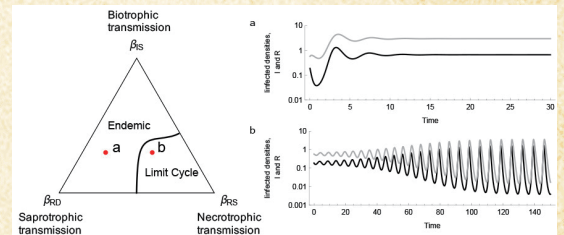
研究詳細 QR



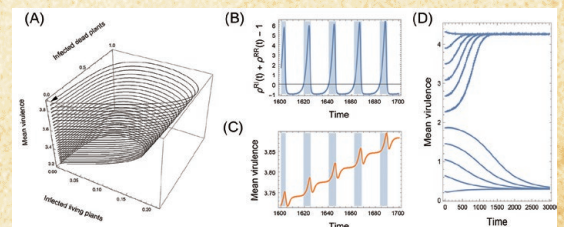
エイズウイルスや睡眠病の病原体トリパノソーマは、宿主に感染したのちに表面抗原を次々と「脱ぎ変える」という巧妙な戦略によって、免疫系の攻撃から逃れます。このような病原体の流行と進化を予測するために、感染個体のなかでのウイルスの表面抗原の進化と免疫応答の数理モデル化が必要になります。例えば、数理モデルを用いて、宿主体内でウイルスの新しい抗原型がどんどん多様化して免疫からエスケープするダイナミクスを解析します。このようなモデルを使って、免疫不全が起こるための多様性閾値、毒性の進化、進化速度、最適突然変異率、ワクチンや薬剤の効果などを評価したり、流行予測を行うなどの研究をしています。このほか、宿主体内での病原体の増殖戦略、性の数の進化、性と組み換えの進化、環境変動下の両賭戦略と遺伝的多様性、表現型可塑性の進化、病原体と宿主の軍拡共進化、適応度地形と突然変異率進化、有限集団における協力行動の進化、空間ネットワークと病原体の毒性、デング熱ウイルス抗原型共存、ミューラー擬態の空間モザイク分布、共進化サイクルの地理的非同調、同所的種分化とニッチ分割、制限酵素認識配列の進化等などのテーマを数理モデルをもとに研究しています。



植物に感染した菌類は「3種類の食べ方」で植物を資源として利用する。「生きたまま喰らう」か(バイオトロフィズム)、「殺してから喰らう」か(ネクロトロフィズム)、「死体を喰らう」か(サプロトロフィズム)である。菌類がこの3種類の食べ方のどれを選ぶ方向に進化するか、それを決定する条件は何か等について数理モデルを用いて明らかにした (Suzuki and Sasaki 2019, Am Nat).



この「感染菌類による食の作法」の違いは、植物と菌類の個体群動態に大きく影響する。「生きたまま喰らう」および「死体を喰らう」方式を選ぶ菌類のもとでは個体群の動態は安定するのに対し (a)、「殺してから喰らう」(ネクロトロフィズム) 方式を主に用いる菌類のもとでは、植物と菌類は大きな振幅でその個体数を振動させる (b) (Suzuki and Sasaki 2019, Am Nat).



「殺してから喰らう」方式(ネクロトロフィズム)を採用する菌類について、その植物に対する毒性(どれだけ急速に感染植物を枯死させるか)がどう進化するかを解析したところ、「個体数が永続的に振動している」と、個体数拡大期に強毒株が有利になる効果により、より強毒な菌類が進化する「こと」が分かった (B, C)。つまり個体数の大きな変動が強毒な菌類を進化させるのである。一方、菌類が強毒であるほど個体群が不安定化する(振動する)ことから、強毒性と不安定性には正のフィードバックが作用する。その結果、個体数の振動のもとで菌類の毒性はらせん状に上昇する (A, D) 上の 6 本の軌道)。一方、毒性の低い初期状態から出発すると、菌類は進化的に弱毒化し、個体群はさらに安定化する (D, 下の 5 本の軌道)。この「殺生性」(ネクロトロフィズム) への加速的進化現象を我々はネクロトロフ・スパイラルと名付けた。ネクロトロフ・スパイラルのため、一旦始まったネクロトロフ化は進化的に後戻りできない (Suzuki and Sasaki 2019, Am Nat).

代表的な論文、著書等

- 1 Ito H, Sasaki A (2023) The adaptation front equation explains diversification hotspots and living-fossilization. *American Naturalist* (in press).
- 2 Lion S, Sasaki A, Boots M (2023) Extending eco-evolutionary theory with oligomorphic dynamics. *Ecology Letters* 2023:00 1-25 doi:10.1111/ele.14183
- 3 Kumata R, Sasaki A (2022) Antigenic escape accelerated by the presence of immunocompromised hosts *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 289 20221437 doi:10.1098/rspb.2022.1437
- 4 Uchiumi Y, Sato M, Sasaki A (2022) Evolutionary double suicide in symbiotic systems. *Ecology Letters* 26 87-98 doi:10.1111/ele.14136
- 5 Sasaki A, Lion S, Boots M (2022) Antigenic escape selects for the evolution of higher pathogen transmission and virulence. *Nature Ecology and Evolution* 6 51-62 doi:10.1038/s41559-021-01603-z



数理生物学

数理の力を用いて生命現象の背後にある法則を解明し
生命の普遍的な原理の探求を目指す

大槻 久 准教授
Hisashi Ohtsuki

研究キーワード

進化、数理モデル、シミュレーション、
社会性、ゲーム理論、協力、罰、人
間行動、生活史、生態学、多様性、
文化進化、進化ダイナミクス



経歴

東京大学数学科卒、同大情報理工学系研究科修士、九州大学理学府生物学専攻修士。理学博士。
日本学術振興会特別研究員、ハーバード大学ポスドク研究員、科学技術振興さきがけ研究員を経て、2011年総合研究大学院大学助教。講師を経て2019年から現職。

所属学会

日本数理生物学会、日本生態学会、
日本人間行動進化学会

志望者へメッセージ

物理学に諸法則があるように進化にもその背後に色々な法則が隠れています。数理的手法はそのロジックを解明する方法論で、どんな生物種やどんな生命現象に関する研究もすることが可能です。日々の研究では、論文を読み、数理モデルを構築し、それを解いたりコンピュータシミュレーションをしたりして、生命の謎に迫っています。論理的に深く考えることが好きな人に向いている分野です。

E-mail

ohtsuki_hisashi@soken.ac.jp

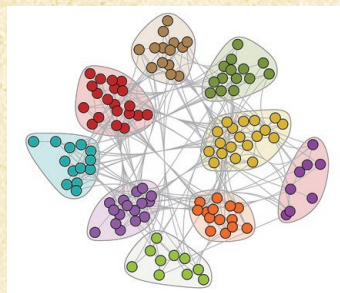
URL

https://researchmap.jp/h_ohtsuki

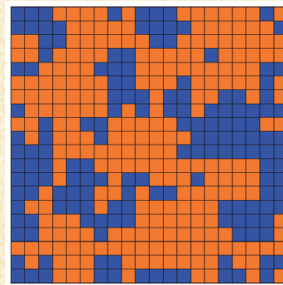
研究詳細 QR



飢餓状態に陥ったキイロタマホコリカビでは、一部の個体が自己犠牲的に長い柄となり仲間の分散を助けます。アリやハチなどの社会性昆虫の多くでは、女王が繁殖を担当しワーカーは労働に徹します。ヒトでは互惠性が社会の基盤を成しています。このように協力は生物界で普遍的に見られますが、自らはコストを支払わずに協力の恩恵のみを享受する「裏切り者」の存在のため、協力の進化的起源は自明ではありません。数理モデルを用いてこの起源を理論的に明らかにしています。具体的には微生物の血縁認識、アリコロニーの動的最適化、包括適応度理論の一般化、集団構造と進化動態、ヒトの間接互惠性、罰や報酬の進化、順位制の進化などのテーマを扱います。その他、動物行動、種多様性、文化進化、社会ネットワーク、ヒトの生活史の進化、発がんプロセスのモデリングにも取り組んでいます。進化ゲーム理論やアダプティブダイナミクス理論自体の基礎研究も行っています。



social network の概念図



協力と非協力の格子シミュレーション

$$\frac{dx}{dt} = \frac{1}{2} \mu \sigma^2 n \left. \frac{\partial s(y, x)}{\partial y} \right|_{y=x}$$
$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I$$
$$\frac{dx_i}{dt} = x_i (f_i - \bar{f})$$
$$rb - c > 0$$
$$\frac{\partial u}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} + f(u)$$

数理生物学で現れる様々な数式

代表的な論文、著書等

- 1 Ohtsuki H, Rueffler C, Wakano JY, Parvinen K & Lehmann L (2020) The components of directional and disruptive selection in heterogeneous group-structured populations. *Journal of Theoretical Biology* 507,110449. doi: 10.1016/j.jtbi.2020.110449
- 2 Parvinen K, Ohtsuki H & Wakano JY (2020) Evolution of dispersal in a spatially heterogeneous population with finite patch sizes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117(13): 7290-7295. doi: 10.1073/pnas.1915881117
- 3 Kobayashi Y, Wakano JY & Ohtsuki H (2018) Genealogies and ages of cultural traits: An application of the theory of duality to the research on cultural evolution. *Theoretical Population Biology* 123: 18-27. doi: 10.1016/j.tpb.2018.04.007
- 4 Uchiumi Y, Ohtsuki H & Sasaki A (2017) Evolutionary emergence and maintenance of horizontally transmitted mutualism that do not rely on the supply of standing variation in symbiont quality. *Journal of Evolutionary Biology* 30:2211-2221. doi: 10.1111/jeb.13187
- 5 Ohtsuki H & Innan H (2017) Forward and backward evolutionary processes and allele frequency spectrum in a cancer cell population. *Theoretical Population Biology* 117: 43-50.



集団遺伝学

遺伝子レベルでの進化メカニズムを理論的に解明する。

印南 秀樹 教授
Hideki Innan

研究キーワード

集団遺伝学, 理論, ゲノム進化

$$L'(g) = p(1-p)\frac{\partial^2 g}{\partial p^2} + q(1-q)\frac{\partial^2 g}{\partial q^2} + [pq(1-p)(1-q) + D(1-2p)(1-2q) - D^2]\frac{\partial^2 g}{\partial D^2} + 2D\frac{\partial^2 g}{\partial p \partial q} + 2D(1-2p)\frac{\partial^2 g}{\partial p \partial D} + 2D(1-2q)\frac{\partial^2 g}{\partial q \partial D} + [0(1-2p) - C(p-q) + 4Nsp(1-p-2q+2pq)]\frac{\partial^2 g}{\partial p \partial C}$$

経歴

東京大学理学系研究科で博士課程終了(1999年)。米国ロチェスター大、南カリフォルニア大で博士研究員を経て、2002年にテキサス大ヒューストン校で Assistant Professor。2006年から総合研究大学院大学助教、2018年から現職。米国財団 Alfred P. Sloan Award、日本学術振興会賞、日本学士院奨励賞受賞。

所属学会

日本遺伝学会

志望者へメッセージ

集団遺伝学は、進化のメカニズムを理論的に考える分野です。数式を用いて進化の法則を記述したり、進化のプロセスを、コンピュータシミュレーションを用いて再現したりします。また、最近では機械学習なども取り入れて、推定や予測を試みています。これらの研究を通して、論理的に考える能力を養います。この能力は、集団遺伝学になる為に必須であるだけでなく、その他の研究分野、更にはビジネスや、投資、賭博にも大切なものです。

E-mail

innan_hideki@soken.ac.jp

URL

<https://sites.google.com/view/innanlab>
<https://researchmap.jp/hinnan>

研究詳細QR

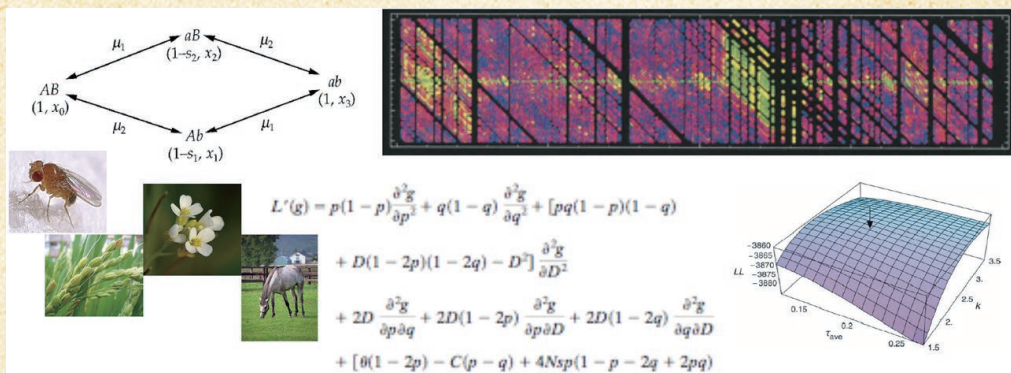


進化のメカニズムを遺伝学ベースに理論的に考えます。遺伝子が親から子に伝わる遺伝の法則は基本的に全生物で共通なため、汎用性の高い進化理論を構築することができます。その理論を様々なゲノムデータに適用することによって、実際にどのようにゲノムが進化をしているかを解明します。

特に、ダーウィンの言うような自然選択の力が、いつ、どこで(ゲノム中の)、どのように働いたか、そして、どのように現存する多様な生物種の形成に貢献したかを、明らかにしたいと考えています。



サラブレッドのゲノム研究(プラストワンピース)



ヒトの有効集団サイズの変化の例

代表的な論文、著書等

- 1 Sakamoto, T., and H. Innan, (2019) The evolutionary dynamics of a genetic barrier to gene flow: from the establishment to the emergence of a peak of divergence. *Genetics* 212: 1383-1398. doi:10.1534/genetics.119.302311
- 2 Fawcett, J. A., and H. Innan (2016) High similarity between distantly related species of a plant SINE family is consistent with a scenario of vertical transmission without horizontal transfers. *Mol. Boil. Evol.* 33: 2593-2604 doi:10.1093/molbev/msw130
- 3 Innan, H., and F. Kondrashov, (2010) The evolution of gene duplications: classifying and distinguishing between models. *Nat. Rev. Genet.* 11: 97-108. doi:10.1038/nrg2689
- 4 Gao, L. Z., and H. Innan, (2004) Very low gene duplication rate in the yeast genome. *Science* 306:1367-1370. doi:10.1126/science.110 2033
- 5 Innan, H., (2003) A two-locus gene conversion model with selection and its application to the human RHCE and RHD genes. *PNAS.* 100: 8793-8798. doi:10.1073/pnas.1031592100



科学技術史

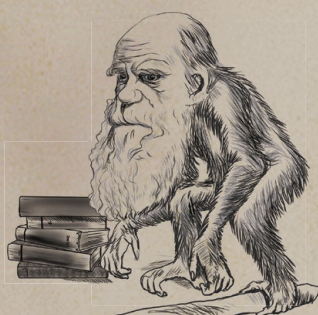
知識の分布について考えよう。

私たちは何を知り、何を知らないのか。それはなぜだろうか。

飯田 香穂里 准教授
Kaori Iida

研究キーワード

科学史、遺伝学史、放射線、
育種、たばこ



経歴

筑波大卒業後、渡米。日本語教師を経て、大学院へ。ペンシルバニア州立大学で遺伝学博士、のちにジョンズ・ホプキンス大学で科学技術史博士号取得。2010年に総研大着任。助教、講師を経て、2016年より現職。

所属学会

日本科学史学会
日本科学史学会生物学史分科会
History of Science Society
International Society for the History, Philosophy and Social Studies of Biology

志望者へメッセージ

科学と社会の関係について私たち一人一人が考察することは、これからの時代ますます必要となるでしょう。批判的かつ柔軟な思考力で新しい時代を切り拓いていってください。

E-mail

iida_kaori@soken.ac.jp

URL

https://researchmap.jp/iida_k

研究詳細QR



科学や技術は、社会の歩みとともに発展してきました。科学史の研究分野では、社会の中において科学知識がどのように生産され、利用されてきたのかを多角的に分析します。

私の研究テーマは多岐にわたりますが、主な関心は、日本の生物学・医学系分野の歴史にあります。これまでの研究では、1920年代から1960年代にかけて、日本の近代化、帝国拡大、戦後復興、冷戦等の社会背景の中、遺伝学がどのように発展してきたのかについて調査・分析してきました。最近では、原子力・放射線に関する概念がどのように形作られてきたのか、その国際的な知識形成に日本がどのような役割を果たしたのかにも関心があります。また、日米関係だけでなく、アジア地域との関係も視野に研究をしています。



US National Academy of Sciences



National Taiwan Univ.

代表的な論文、著書等

- Iida, K. (2021) Postwar reconstruction of Japanese genetics: Kihara Hitoshi and the Rockefeller Foundation Rice Project in Cold War Asia. *Historia Scientiarum* 30 no.3: 176-194.
- Iida, K. (2020) Peaceful atoms in Japan: Radioisotopes as shared technical and sociopolitical resources for the Atomic Bomb Casualty Commission and the Japanese scientific community in the 1950s. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological & Biomedical Sciences* 80, article # 101240. doi: 10.1016/j.shpsc.2019.101240
- Iida, K. and R.N. Proctor. (2018) 'The industry must be inconspicuous': Japan Tobacco's corruption of science and health policy via the Smoking Research Foundation. *Tobacco Control* 27: e3-e11. doi: 10.1136/tobaccocontrol-2017-053971
- Iida, K. (2015) A controversial idea as a cultural resource: The Lysenko controversy and discussions of genetics as a 'democratic' science in postwar Japan. *Social Studies of Science* 45 no.4: 546-569. doi: 10.1177/0306312715596460
- Iida, K. (2015) Genetics and 'breeding as a science': Kihara Hitoshi and the development of genetics in Japan in the first half of the twentieth century. In D. Phillips and S. Kingsland eds. *New Perspectives on the History of Life Sciences and Agriculture* (Cham, Switzerland: Springer International), pp. 439-458. doi: 10.1007/978-3-319-12185-7_21



科学哲学

科学という営みや科学知識の性質を分析する

大西 勇喜謙 講師
Yukinori Onishi

研究キーワード

科学的事実論, 科学的表象,
モデル, 確証理論, 認識論

経歴

2015年京都大学より博士号取得。
2015年度より現職。
2013-2014年度はフルブライト
奨学生としてマイアミ大学に滞在。

所属学会

Philosophy of Science
Association, 日本科学哲学会,
科学基礎論学会

志望者へメッセージ

本コースは、科学者との距離が近いという点で、科学哲学を研究するにはとても良い環境です。科学の実践をふまえて研究したいという人をお待ちしています。

E-mail

oonishi_yukinori@soken.ac.jp

URL

http://www.y-onishi.sakura.ne.jp/

研究詳細QR

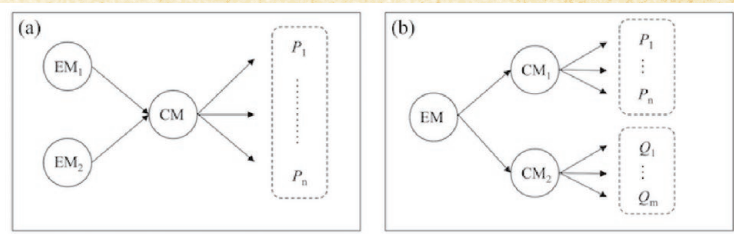


今日、科学技術は私たちの生活のあらゆる側面に大きな影響を及ぼしています。それは私たちに多大な恩恵をもたらす一方、新たな科学技術の登場により、これまでにはなかったような災害や倫理的課題が生じることもあります。そのため、科学と社会との関係は様々な側面から、様々な分野の知見を用いて盛んに論じられてきました。科学哲学もそうした諸分野のひとつです。

「科学と社会」との関係性を十分に理解しようとするれば、まずは「科学とはいかなるものか」ということをより深く理解する必要があるでしょう。例えば、科学のどのような特徴が、それを特別なものたらしめ、「疑似科学」などとよばれるその他の活動から区別するのでしょうか。あるいはまた、科学とは、社会的価値の影響を受けない営みなののでしょうか。個々の科学者が特定の社会的・文化的背景の中で研究を行なっているにもかかわらず、もしそれらの影響を受けないとすれば、それはどのようにして可能になっているのでしょうか。もし受けるとすれば、そのことは科学の権威や合理性を損なうことになるのでしょうか。こういった問題は、科学哲学で論じられてきたものです。

この分野での私自身の関心は、主に科学的知識の分析にあります。中でも「科学的事実論論争」とよばれる論争（観察不可能な事柄も含めて、科学理論が世界について述べることの近似的真理性をめぐる論争）について研究し、認識論（知識論、認知的正当化論、あるいは認知的保証論）における様々な理論を本論争へ適用する試みを行なってきました。

関連して、いわゆる「データのモデル」といわれるものと生のデータとの関係など、科学的表象（科学理論が世界をどのように表象しているか）に関する諸問題にも関心があります。



代表的な論文、著書等

- 1 Yukinori Onishi and Davide Serpico (2022). Homeostatic property cluster theory without homeostatic mechanisms: Two recent attempts and their costs. *Journal for General Philosophy of Science*, 53, 61–82. doi: 10.1007/s10838-020-09527-1
- 2 Otávio Bueno and Yukinori Onishi (2020). The likelihood ratio measure and the logicity requirement. *Erkenntnis*, 87:459–475. doi: 10.1007/s10670-019-00202-6
- 3 大西勇喜謙.(2019)「科学哲学と研究公正」『地盤工学会誌』67-9 (740): pp. 52-59.
- 4 Yukinori Onishi.(2017) Defending the selective confirmation strategy. *Studies in History and Philosophy of Science, Part A*. Vol. 64: 1-10. doi: 10.1016/j.shpsa.2017.07.001
- 5 大西勇喜謙.(2012)「認識論的観点からの实在論論争」『科学哲学』44: pp. 65-81. doi: 10.4216/jpssj.44.2_65



松下 敦子 講師
Atsuko Matsushita

共同利用顕微鏡設備
技術支援担当
微細神経解剖学

脳神経回路を形態学的に調べています。神経情報の質と量は、シナプスの形や数など様々な形態的要素で決まります。これらは、微細形態から初めて具体的な数値として得られ、回路機能の実体に迫ることができます。また私は、種同士を比較することで、神経回路の多様性と普遍性に迫ろうとしています。

経歴

横浜市立大学大学院 博士(理学)取得。ずっと電子顕微鏡を用いた研究に携わり、感覚系を中心に多くの生物種を観察。ニューロエノロジーを深めるために渡米、ヘビの行動、弱電気魚の電気生理を学びつつも、軸足はやっぱり電顕。行動の基盤となる形態観察がおもしろい。他種と比較するともっとおもしろい。総研大には2008年に着任。

志望者へメッセージ

人は、ときに色眼鏡で物を見てしまいます。対象を正しく捉えることがどれだけ大切か、観察を通して再認識してみませんか？(統合進化科学実習の「電子顕微鏡」を担当しています)

E-mail

matsushita_atsuko@soken.ac.jp

URL

https://researchmap.jp/am9p

研究詳細QR



共同利用研究設備

https://rcies.soken.ac.jp/html/equipments.html

共同利用機器について

統合進化科学センターでは、活発な共同研究を推進する一環として、顕微鏡設備の共同利用支援を行っています。最先端技術を駆使したセンター独自の設備をご紹介します。

1 透過電子顕微鏡

提供技術 一般的な生物微細構造研究の試料作製から写真撮影・画像処理まで

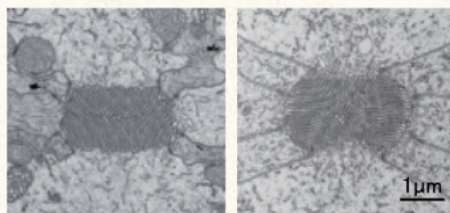
観察例 昆虫の脳、複眼、表皮、鱗粉、哺乳類・魚類の神経系、哺乳類生殖器官など



透過電子顕微鏡 (日立 H-7650)

アオスジアゲハ

ウスバシロチョウ



チョウ複眼の受光部の透過電顕像

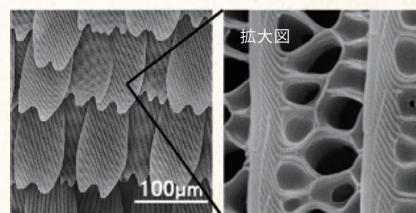
2 走査電子顕微鏡

提供技術 走査電顕の一般的な生物試料作製から写真撮影まで

観察例 昆虫(複眼、触角、翅、鱗粉など)、遺跡から出土した動植物遺物及びそのレプリカ、ガラス電極先端等



走査電子顕微鏡 (日本電子 JSM-6490LV)

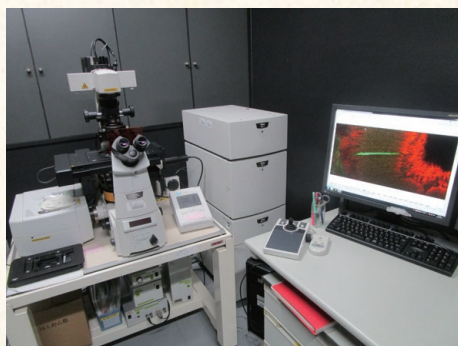


アゲハの鱗粉の走査電顕像

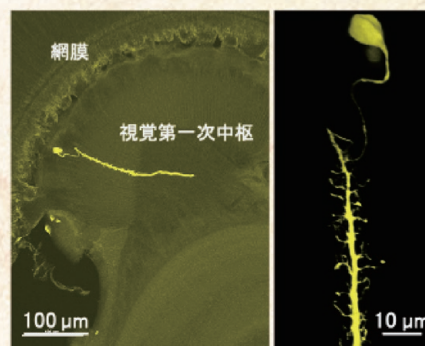
3 共焦点レーザー顕微鏡

提供技術 2D/3Dイメージング、in vivo イメージング、4ch検出器によるマルチカラーイメージング、スペクトル画像取得、同時光刺激イメージング、タイムラプス

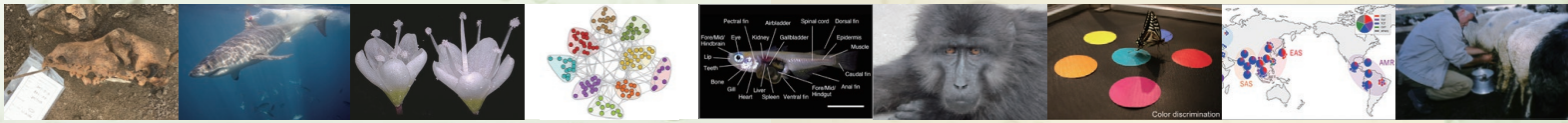
観察例 昆虫中枢の構造、棘皮動物の、胚発生過程、藻類の同時光刺激イメージングなど



Nikon A1Rsi



アゲハ視覚第一次中枢の神経細胞



教育の概要・特色

統合進化科学コースは、『進化学』を冠した日本ではまだごく少ないコースのひとつです。現在の生命科学の進歩が、社会の中でどんな意味を持っているのか、どう対応していけばよいのか。これらの問題を正面から考える事のできる、広い視野を持った科学者を育てることを目指して本コースは作られました。現存する生物は、すべて過去から続いてきた歴史の産物です。多様な生物の一つ一つは、単に個別のものとして存在するのではなく、進化の結果として互いに関連し一体となって生命系をつくっています。この歴史性と多様性を理解する鍵が、進化なのです。ところが、既存の生物学は、非常に細分化された分野を深く追究することに専心するあまり、全体像が捉えにくくなってしまいました。

本コースではこの弊害を打破するために、自分の専門分野に軸足を置きつつ、多様性と歴史性をふまえて生命現象を広くとらえることを重視しています。私たちは、理学、工学、医学、農学などの多様な理系分野のみならず、心理学、社会学や哲学といった文系分野からの入学も歓迎します。文系分野からの入学者には、本コースで学ぶために必要な理系の知識を修得する科目をおいています。研究領域としては、生物科学系に加え、科学と社会領域を設けてあります。学生はこのいずれかで学位研究を行います。すべての学生が科学と社会の関わりを見つめるもう一つの目を養えるよう、副論文制度を実施しています。学位取得後は、研究者はもちろん、広く産業界で理系・文系の枠を超えた高度な教養と専門知識とを生かした活躍をしてほしいと願っています。

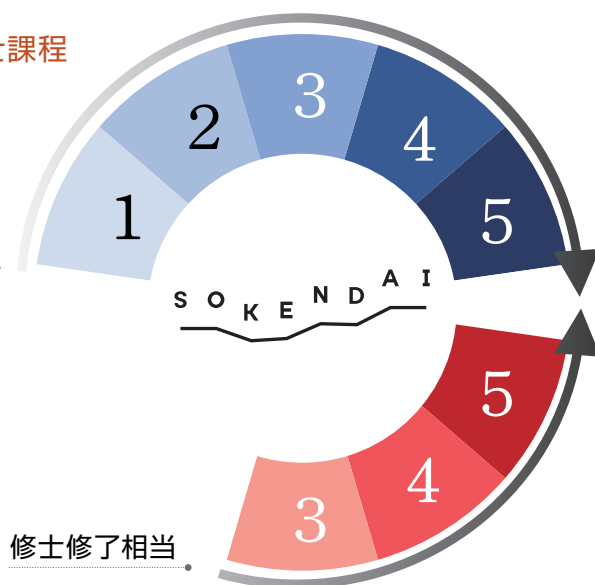


5年一貫制博士課程

博士課程 | 後期入学も可能な柔軟さ

5年一貫制博士課程
博士後期課程

学部4年卒相当



修士修了相当

博士課程修了

研究者

世界で活躍
する研究者

高度な専門性
を備えた社会人

社会人

教育の特徴

本コースの教育プログラムは、自らの生命観を確立し、これからの社会の発展に生かすことのできる人材を育成することを目的に編成されています。最大の特徴は全学生の学習・研究プロセス管理に全教員が関わることであり、従来の大学院教育にはない数多くの斬新な取り組みがあります。

● 集団指導体制

学生ひとりひとりの学習と研究の進捗状況に教員全員が目を配り指導します。学生は、指導教員（主任指導教員1名、副指導教員2名）のみならず、その他の教員にも研究指導・助言を求めることができます。

● 副論文制度

本学の理念ともなっている広い視野を涵養するため、本コースでは、専門分野での学位論文（主論文）とともに、副論文の提出が学位授与の要件となっています。

生物科学系で主論文を書く学生は科学と社会に関するテーマで、また科学と社会で主論文を書く学生は生物科学に関するテーマで副論文を書きます。該当分野の教員が指導にあたり、副論文研究をサポートします。

● 統合進化科学セミナー

生物科学や科学と社会など、様々な分野の第一線で活躍されている研究者を講師に招待し、年8回のセミナーを開催しています。学生は、講師と直接ディスカッションをしながら、最新の研究動向や歴史的背景を学ぶことができます。

充実した学生支援

学生の研究活動や成果発表を充実した制度で支援します。

▶ リサーチ・アシスタント（RA）雇用制度

RAとして年間授業料相当額までを支給します。

▶ ノートパソコンの貸与

全学生に研究や学習に使用するノートパソコンを貸与します。

▶ 海外移動経費支援

海外での研究成果発表、海外の研究機関での研究活動・資料収集に伴う旅費・滞在費を支援します。

▶ 国内移動経費支援

本学他コースや他大学院の講義を受講する際の移動経費、国内学会での研究成果発表、基盤機関や共同利用実験施設等での実験に伴う旅費・滞在費を支援します。

▶ 研究論文掲載費等助成

研究論文の掲載等に必要経費を支援します。

▶ SOKENDAI 研究派遣プログラム

国内外での長期の共同研究等を支援します。

本コースにおける履修プロセスのモデル

年次	■ 5年一貫制博士課程入学	■ 博士後期課程入学
D1 (1年次)	ラボローテーション(複数の研究室での研究体験)や副論文入門の履修を通して、学位論文・副論文のテーマを決定し、研究計画を作成、指導教員を決定する	
D2 (2年次)	本格的に研究を開始。 2年次の終わりに進級審査。	
D3 (3年次)	学位論文・副論文課題研究を進める。	指導教員、学位論文、副論文課題を決定し、研究を進める。
D4 (4年次)	学位論文・副論文課題研究を進める。 4年次の終わりに、副論文を提出する(推奨)。	学位論文・副論文課題研究を進める。 4年次の終わりに、副論文を提出する(推奨)。
D5 (5年次)	学位論文を提出。学位審査。	学位論文を提出。学位審査。



統合進化科学セミナー: 外部講師によるセミナー

統合進化科学プロGRESS: 研究の進捗・成果発表

オープンキャンパス及びコース説明会を実施しております。

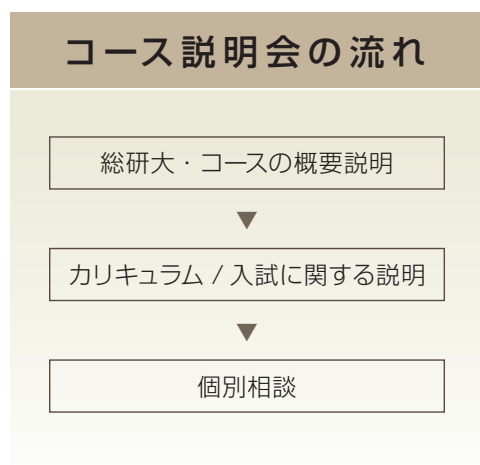
また、希望に応じて個別に体験入学や個別の進学相談、研究室訪問を随時受け付けております。

2023年度 オープンキャンパス コース説明会

2023年度 コース説明会スケジュール

◎ 2023年5月13日（土）

「大学院で学ぼう！研究最前線」 講演会・入試説明会（オンライン）



2023年度 大学院で学ぼう！研究最前線
総合研究大学院大学 統合進化科学コース
講演会・説明会
2023年5月13日 (SAT) 13:00~17:00
オンライン開催
参加費無料・希望者無料
どなたでも参加できます。

第1部 講演「研究の最前線」 13:00~14:30
胚発生は進化の早送り再生トドか？ 入江 直樹 教授
「動物目録カメラ」が明らかにするアザラシの生態、サメの行動 高田 裕隆 教授

第2部 14:40~15:00 統合進化科学コース説明会 (大学・コース概要/カリキュラム・入試説明) 希望者個別相談
15:00~16:30 各教員の研究紹介

講演会・説明会の申込 <https://forms.office.com/r/45pvmqyMM1>
事前申込締切 2023年5月12日 (FRI) 12:00

お問い合わせ 総合研究大学院大学 統合進化科学センター事務局
TEL.046-858-1577 e-mail: hayamajimu@ml.soken.ac.jp

◎ 2023年11月11日（土）

講演会・入試説明会（オンラインにて開催予定）

◎ 2024年1月5日（金）

後期オープンキャンパス（葉山キャンパスにて開催予定）



その他、コース説明会など [詳細はホームページ](#) (<https://ies.soken.ac.jp/>) にてご確認ください。

～総研大葉山キャンパスの学生のリアルな声を聞く～
修了生へのインタビュー

INTERVIEW



2021.03.24 修了



生命共生体進化学専攻 岩崎 理紗さん

朝来ていきなり論文読みにいたりする日もあれば、解析の続きをするって日もあります。解析に行き詰まったりすると、一旦寝かせて、ラウンジでお茶を淹れに行ったり。キッチンがあるので、食材を持ち寄って、友達と紅茶入りパンを作ったり、ポップコーンを作ったりもしていましたね。

－ 総研大に進学した動機は？

ある時期に「銃・病原菌・鉄」という本を読んで、ヒトを考古学的、人類学的、歴史学的にとりんな方向で見ることができるということを、面白いと思っていました。自分がやりたいキーワードを洗い出した時、進化とか受容体というのが挙がり、元々ヒトに興味がありましたし、研究できる分野が幅広いということから、この専攻を選びました。

－ 学生生活は？

学生は少ないですが、いろんな分野の人と仲良くなれて良かったです。違う分野の人って、普通の大学だとキャンパスが違ったりして、会うこともないのですが、総研大は、同じ階とか近くに、違う分野の人がいるので、「今何してるの？」みたいな話を気軽にできて、良かったなと思います。院生がいる「院生室」もラボの違う人をごちゃごちゃに並べて交流させる、という配慮があるらしいです。

－ 総研大らしさって？

狭く深くという方向にだけ縛られず、脇の可能性について認識して研究を進めるのはいいことだと思います。一般的に高校ぐらいから、文系理系に分けられますが、ヒトを研究している私は、文理どちらの考え方も好きなんです。総研大では文系のレクチャーにも参加させてもらって、様々な気付きがありました。あるレクチャーでは、北海道の博物館に出向いて、どのような展示をしているのかを見せてもらったり、四国で民俗学の先生が先導して下さって博物館巡りをしたり、直接自分の研究分野につながることは難しいですが、視野はとても広がりましたね。

－ 研究生活は？

自分がやりたいことを、どんなフレームワークに落とし込むのか、最初から分かっている人ってなかなかいないものです。動き始めて、何ができないかに気づき、自分ができることが分かり、試行錯誤しながらちょっとずつ形を作っていく感じでした。もやもやだったものが、一つの像を結び、解像度が上がっていくという感じでした。

－ 葉山キャンパスの印象は？

最初に来た時には、バスにのって山の中に入っていくので、ドキドキしました(笑) 研究生活って、結果が出なくて苦しいときも多くて、別の刺激を入れて発散するには、一旦山を下りなきゃいけないです。お散歩したりすると、夕焼けが綺麗だったりして、気分転換にはいいですね。こぢんまりとした環境は、気に入っていました。

－ 修了後は？

ヒトの多様性が面白いと思っています。遺伝的な多様性、文化的な多様性の両方が関わっているのがヒトの面白い特性です。遺伝的な多様性はものすごく低いのにヒトが何故、こんなに世界中に生息域が広がって、類人猿の中で一番生息域を拡大したのか、というのが非常に面白いところです。今後もこの方向性で研究を続けたいと思います。

総研大に入学することを考えている人へ

やりたいことやテーマが決まっていって入ったとしても、その学問分野でのフレームワークに合わせて実現可能な形に持って行くのは容易ではないです。そのプロセスは、困難も多くて、へこむことも多いです。でも、それを越えた先には、自分だけのものが現れてくるので、そのプロセスを楽しんで欲しいですね。

Message to you



2021.03.24 修了

研究で滞在したハプスブルグ家の離宮を研究所にした建物。
先導研の国際共同プロジェクトでは、学生でも海外の著名な研究者と共同研究ができる機会がある。



生命共生体進化学専攻 佐藤 正都さん

葉山キャンパスはとても充実感があり、人間としての成長の場となり将来への強味となりました。
わたしは唯一無二な特殊な環境下で独自の研究を続けたいと…感謝を記したいです。

ー 総研大に進学した動機は？

子どもの頃から、生物の進化に興味がありました。学部を卒業して大学院に進むという段階で、特に進化の理論に興味があって、日本で進化の理論ができるのはどこか、と考えたら総研大かな、と思い進学を決めました。特に進化の理論は、やっているところが他にそんなにないですし。

ー どんな研究を？

深海に住んでいるハオリムシという変な生きものがいて、体内でバクテリアと共生しています。そのバクテリアがホストに対して、どう協力するかという共生関係の進化の理論モデルについての研究をしていました。

ー 研究成果は？

自分の持ち込んだテーマで研究を進めて、憧れでもあった著名な国際誌「The American Naturalist」に掲載されるまで行きつけたことが、一番の成果かなと思っています。D2で投稿して、D5になって掲載されました。ちょっと長くかかりましたけどね(笑)。

ー 一番つらかったのは？

のびのびとやらせてもらっていたし、先生や他の研究者との関係も良好で、正直障害らしい障害はなかったですね。D4の時に研究とは関係なくなんですが、スズメバチに刺されて、2週間くらいずっと寝込んだことくらいですね。最初に投稿した論文の校正作業中でした。

ー 総研大のメリットは??

学部直結でないので、授業で時間が取られることもあまりなく、先生や先輩も気軽に議論してもらえるとことがとてもいいです。時間を気にせず、部屋に乗り込んでいってもちゃんと相手をしてもらえます。

ー 一番の思い出は？

D4の時、オーストリアのウィーンの研究機関、IIASA (International Institute for Applied Systems Analysis) に2週間程度滞在してその後、著名な研究者と共同研究をする機会を得ました。自分の研究者としてのキャリアを考えると、英語で研究の議論をする能力も鍛えられたし、良かったです。

ー 葉山キャンパスはどうだった？

研究環境としては、とてもいい環境でした。周りに何も誘惑はないです(笑)。キャンパスにいる人で、学内で鍋をしたり、餅つき大会があったり、春と秋にはBBQをしたり、イベントもよくありました。そういう時に雑談も、研究の話もします。色々な分野の先生が、小さなキャンパスにいらっしやるので、違う分野の先生や先輩と話をすることで、分野ごとの文化の違いが感じられていい刺激になったと思います。葉山キャンパスは緩やかに日常と研究が繋がっている感じでしたね。

総研大に入学することを考えている人へ

自分のやりたいことをやるのにここに来た方がいいと思った人は是非来て欲しいです。基本的に、一貫性の博士課程で、目標とするのは一人の自立した研究者になること。そういう心構えが出来ている人なら、幸せになれると思います。私自身は、このまま研究者としてアカデミックにいたいと思います。生物の進化の謎を全て解き明かしたい、というのが一番大きな目標ではあります。

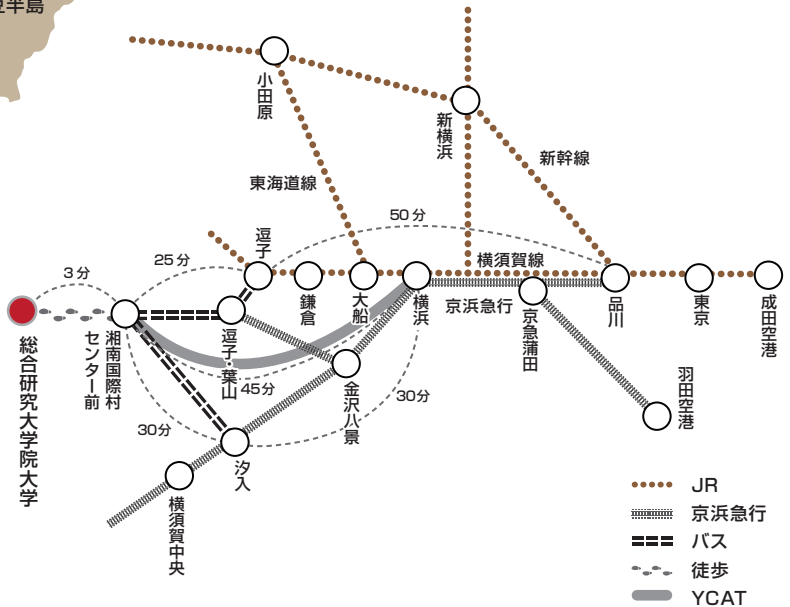
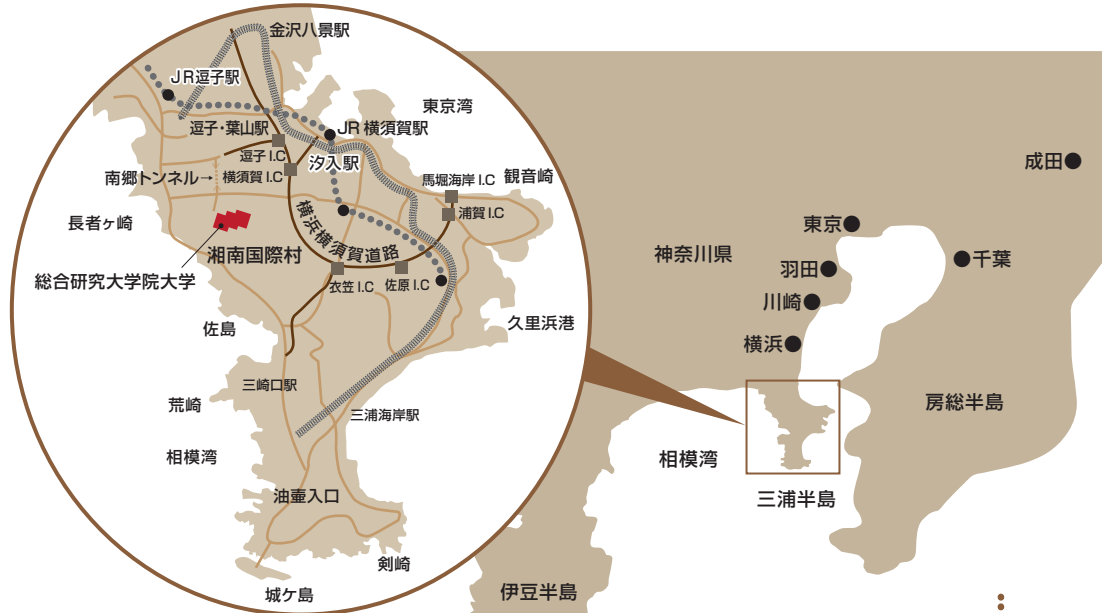


キャンパス内のマスク。夏だと朝の時から夜の時くらいまで、休憩をはさみつつずっとつけて過ごすことも。



令和三年三月二十四日
第六回総研大賞受賞した正都さん。
学長と記念撮影。

葉山キャンパスアクセスマップ



総研大周辺地図



●電車・バス利用

- JR 横須賀線 逗子駅東口下車
 - ◆京急バス①番乗り場より
 - 逗 16 系統・逗 26 系統「国際村センター」行き、「湘南国際村センター前」下車
 - 乗車時間：約 29 分
- 京浜急行 逗子線 逗子・葉山駅南口下車
 - ◆京急バス①番乗り場より
 - 逗 16 系統・逗 26 系統「国際村センター」行き、「湘南国際村センター前」下車
 - 乗車時間：約 27 分
- 京浜急行 本線 汐入駅下車
 - ◆京急バス②番乗り場より
 - 汐 16 系統「湘南国際村」行き、「湘南国際村センター前」下車
 - 乗車時間：約 34 分
- 横浜駅より 高速バス
 - ◆横浜シティ・エア・ターミナル (YCAT)
 - Y5 番乗り場 横須賀西部行き (「電力中央研究所」(平日)、「佐島マリナ入口」(土休日) 行きバス)、「湘南国際村センター前」下車
 - 乗車時間：約 45 分

●車利用

- 横浜横須賀道路 (有料)「逗子インター」より
- 逗葉新道 (有料) 出口より交差点左折、南郷トンネルを抜け直進約 5 分
- 「湘南国際村センター入口」交差点を左折約 1 分
- 横浜横須賀道路 (有料)「横須賀インター」より
- 出口より 1 分、交差点鎌倉葉山方面へ右折、直進約 8 分、
- 「湘南国際村センター入口」交差点を左折約 1 分

注)「湘南国際村センター前」下車徒歩 3 分、
「湘南国際村つつじが丘」下車徒歩 8 分、
「湘南国際村間門沢調整池」下車徒歩 10 分

京浜急行バス詳細



YCAT 高速バス詳細



※ 2021 年 4 月 1 日 時点の情報です。
詳細は各バス会社 HP 乗換案内よりご確認ください。

【編集】 総合研究大学院大学 総合企画課 広報社会連携係
表紙・イラスト：広報社会連携係
【発行】 2023年9月

当冊子内（文章、イラスト、画像、その他）の著作権は、著作権法により権利が守られています。
本学の許諾無く無断で使用・複製・改変・公開及び頒布することを一切禁止します。
このような著作権侵害、著作隣接権侵害行為が行われた場合には法的手段が講じることがございます。



統合進化科学研究センター
統合進化科学コース

