

1. 研究領域名：(3219) 複合適応形質進化の遺伝子基盤解明
2. 研究期間：平成22年度～平成26年度
3. 領域代表者：長谷部 光泰（自然科学研究機構・基礎生物学研究所・教授）

#### 4. 領域代表者からの報告

##### (1) 研究領域の目的及び意義

自然選択理論、中立理論を始めとする既存の進化理論がいまだ取り込むことに成功していない現象がある。食草転換、新奇適応形態、擬態、共生など、複数の形質進化が積み重なることによってはじめて適応的になり、未完成な段階では適応的でなく、かえって生存に不利になってしまうような形質（複合適応形質）の進化である。本領域では、複合適応形質を制御する遺伝子を同定し、その進化メカニズムとプロセスを推定することにより、進化の新しい共通理論を導きだすことを目指す。そのために、1分子並列処理シーケンサーなどを活用した新実験研究手法の開発を異なった研究材料を用いる研究者が共同して行い、モデル生物だけでなく、多様な非モデル生物のゲノムワイドな遺伝子ネットワーク解析を可能とし、複合適応形質進化研究に加え、他の進化生物学研究領域にも有用な技術革新を起こすことを目指す。これまで、ゲノム生物学の進展を取り込めば、進化学の大問題である複合適応形質進化について研究が著しく進展すると期待されてきたが、進化学分野、特に、複合適応形質のように生態学的観点を取り込んだ研究を行っている研究者には、ゲノム生物学の概念も技術もほとんど浸透していなかった。そこで、本領域では、ゲノム生物学者・情報数理生物学者と進化学者が共同研究を行うことによって、進化学研究領域の発展を目指す。さらに総括班活動として、インフォマティクス教育を行い、日本で立ち遅れているインフォマティクス人材の育成を行う。

##### (2) 研究の進展状況及び成果の概要

(1) 非モデル生物のゲノム解読、複合適応形質制御遺伝子解析法の確立のため、ゲノム生物学者、情報数理生物学者からなる方法開発班を設置し研究法開発を行った。新型シーケンサーPacBio RSを導入し、従来のHiSeq 2000と併用して非モデル生物のde novoゲノム配列を安価かつ短期間で決定する方法開発が順調に進んだ。インフォマティクス実験手法、昆虫一般に適応可能な新規形質転換法の開発を行い、領域内の共同研究に供した。バイオインフォマティクスを実験生物学者に浸透させるため、総括班で教育システムを構築し、ほぼ全ての班で独自にインフォマティクス解析ができるようにした。(2) 複合適応形質から特に重要と考えられる新規適応形態、食草転換、擬態、共生、形態と行動、アロメトリックな形態変化、代謝様式を選抜し、責任遺伝子の同定が順調に進んでいる。(3) 新規複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク進化メカニズムに関する各班での研究成果を総括した結果、「遺伝子ネットワークの中で多数の遺伝子と結合している結節点（多分岐結節点）遺伝子が変化することによって複合適応形質進化が引き起こされる」点が多く、多くの系で共通したメカニズムであることがわかった。(4) 複合適応形質を担う遺伝子ネットワークは、祖先集団内多型が、交配によって集団内に固定していくことによって進化する可能性について検討を進めた。また、実験的に進化プロセスを解明する研究も開始した。

#### 5. 審査部会における所見

A （研究領域の設定目的に照らして、期待どおりの進展が認められる）

##### 1. 総合所見

本研究領域は、複合適応形質を制御する遺伝子を同定し、その進化メカニズムとプロセスを推定することにより、進化の新しい共通理論を導き出すことを目指すものである。「複合適応形質」と名付けた、進化学上の古くからの大きな疑問に対して果敢に取り込もうとする研究領域であり、領域代表者の強力なリーダーシップのもと、進化生物学者、ゲノム生物学者、数理情報生物学者が連携し、普遍的ルールの発見という共通意識を持つことに重点が置かれ、新学術領域研究ならではの研究が推進されていると評価できる。特に、進化メカニズムに「多分岐結節点遺伝子」の変化が重要であること、進化プロセスに「祖先集団内多型の固定化」が重要であることが見えてくるなど、着実に研究が進展している。また、総括班を中心とした若手研究者育成への取組、新規技術の共有化など、領域運営についても高く評価された。

##### 2. 評価の着目点毎の所見

###### (1) 研究の進展状況

「異なる学問分野の研究者が連携して行う共同研究等の推進により、当該研究領域の発展を目指すもの」としては、進化生物学者、ゲノム生物学者、数理情報生物学者による連携研究を標榜しており、実際にゲノム解析技術、ゲノム情報処理、ネットワーク解析など、技術面での共有が進み、多くの成果を上げつつある。多様な研究対象であり、各論的な印象が強いが、普遍的ルールの発見という共通意識を持つことに重点が置かれている点が評価できる。この意識を持続し、多様な現象の説明に終始することなく、さらに意識を高めての継続が期待される。また、「多様な研究者による新たな視点や手法による共同研究等の推進により、当該研究領域の新たな展開を目指すもの」としては、食草転換、擬態、共生など「複合適応形質」に関わる多方面からのアプローチを行っており、これらの研究を遂行するため、非モデル生物のゲノム解析技法の新規開発などが精力的に進められていると判断できる。

「当該領域の研究の発展が他の研究領域の研究の発展に大きな波及効果をもたらすもの」としては、現時点では明らかでない他領域への波及効果は見えてきていないが、今後非モデル生物のゲノム解析技法などの支援体制による同分野の他研究者及び他研究グループへの波及効果は大きく期待できる。

「学術の国際的趨勢等の観点から見て重要であるが、我が国において立ち遅れており、当該領域の進展に格段の配慮を必要とするもの」としては、日本の進化生物学はむしろ進んでいる分野であるにもかかわらず、ゲノム解析、生命情報処理等、バイオインフォマティクスという分野においては大学等高等教育研究機関における教育面では遅れをとってきた。領域という小さい単位ではあるが、着実に教育の支援体制をとっており、少しずつでも研究現場での教育と普及に努めていることは評価できる。今後生まれる研究成果により、教育へのモチベーションが上がることによる日本全体への影響を期待したい。

## (2) 研究成果

「異なる学問分野の研究者が連携して行う共同研究等の推進により、当該研究領域の発展を目指すもの」としては、現時点では、異分野連携による共同研究の成果としての論文発表はまだないと思われる。しかしながら、ゲノム情報、ゲノム解析技術、数理解析特にネットワーク解析など、技術をうまく取り込む努力がなされることで、これまで連携が難しかった分野との連携が進み始めており、良い成果が上がりつつあると評価できる。

「多様な研究者による新たな視点や手法による共同研究等の推進により、当該研究領域の新たな展開を目指すもの」としては、「複合適応形質」という複雑な問題を内包した研究テーマであり、それぞれの研究代表者の研究材料や研究対象が異なるため、技術面以外は現在のところ共同研究はそれほど多くないが、個々の研究についてはインパクトファクターの高い雑誌に掲載されるなど目立った成果が出ている。また、新しい技術がもたらす新たな情報による新視点が生まれてきており、参加している研究者の意識も変わりつつあると考えられる。

「当該領域の研究の発展が他の研究領域の研究の発展に大きな波及効果をもたらすもの」としては、現時点では具体的な波及効果は見取れないが、非モデル生物のゲノム解析技法の新規開発が着実に進展しており、大きな波及効果をもたらす素地ができていると判断でき、支援体制構築による共同研究者、若手研究者への教育を通じて、同分野への波及効果は着実に進められていると考えられる。

「学術の国際的趨勢等の観点から見て重要であるが、我が国において立ち遅れており、当該領域の進展に格段の配慮を必要とするもの」としては、進化メカニズムに「多分枝結節点遺伝子」の進化が重要であること、進化プロセスに「祖先集団内多型の固定化」が重要であることが見えてくるなど、世界をリードしうる概念が形成されつつあると判断できる。

## (3) 研究組織

採択時の所見を踏まえて考慮した分野の領域組織を組んでいる。また、総括班において極めて労力のかかる企画を実践し、若手研究者の育成に配慮している点は高く評価できる。

## (4) 研究費の使用

特に問題点はなかった。

## (5) 今後の研究領域の推進方策

この研究領域は、真に新たな学術領域の展開を目指しており、リスクは高いが、目標達成時に得られる成果が大きい研究領域であり、領域代表者のリーダーシップが問われる領域である。いかに研究成果を「複合適応形質」への理解に向けて統合するのか、今後、領域代表者のリーダーシップに更に期待したい。