

研究領域名

ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成

研究期間

平成23年度～平成27年度

領域代表者

高山 誠司（奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・教授）

研究領域の概要

生物の設計図であるゲノム情報は、均一化されたゲノムを持った扱い易いモデル生物において解読が進む一方で、自然界の生物集団における遺伝子やその制御エレメントには驚くほどの多様性が存在する。従って、高次の生命現象は複雑に絡み合う遺伝子産物の組合せによる相互作用(ゲノム・遺伝子相関)を通じて決定され、外的要因や相手方に対する頑健性、可塑性、多様性を生み出しているが、その分子メカニズムは明らかではない。本新学術領域では、このようなゲノム・遺伝子相関を対象とする先進的な遺伝学研究を集約し、様々な生命現象の根幹を支えるゲノム・遺伝子相関機構の普遍性、多様性を明らかにすることで、ポストゲノム時代の新たな学術領域を先導する。

領域代表者からの報告

1. 研究領域の目的及び意義

① どのような点が「我が国の学術水準の向上・強化につながる研究領域」であるか

今日の分子遺伝学は、扱い易いモデル生物を利用して、メンデル遺伝学で説明可能な生命現象の解析により発展した。即ち、もっぱら均一化したゲノムを持つ生物を材料として、多様性や複雑性を排除した「単純遺伝学」により、ライフサイエンス研究における遺伝子機能の基盤が構築されてきた。

一方、ヒトをはじめとする自然界の生物集団では、各個体のゲノムは均一な対立遺伝子では構成されず、その結果、多様な遺伝子産物が作られる。このため、自然集団で生み出される子孫は、多様な遺伝子が複雑に絡みあう「遺伝子相互作用」を通じて表現型が決定されるため、しばしば「単純遺伝学」では解を得られない。また、様々な生物におけるオス・メスの「相性」決定機構、作物・家畜育種で見られるハイブリッド品種の遺伝現象(雑種強勢)も「単純遺伝学」の範疇では説明できない。身近な例として、メス馬とオス驢馬(ロバ)とから生まれた雑種ラバは、体が大きく家畜として優れている。ところが、雌雄を逆にした交配から生まれるケッティは体が小さく、家畜に適さない(図1)。このような複雑な遺伝現象は、異なる雌雄親に由来するゲノム・遺伝子機能の組合せにおける「相性」差が原因と推察されるが、実体は明らかではない。

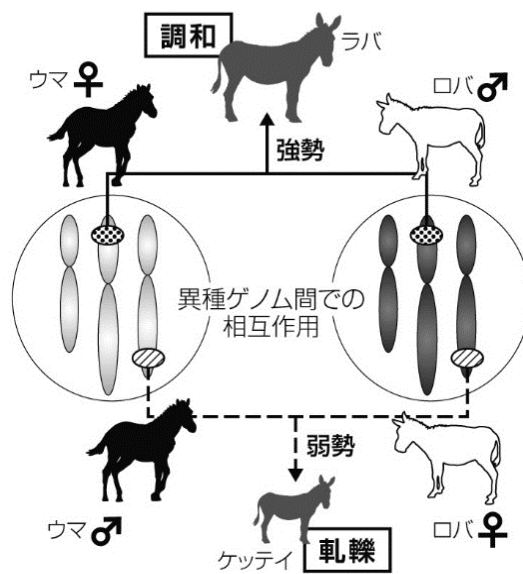


図1. 単純遺伝学のみでは説明できない現象例

このような複数のゲノム・遺伝子機能の組合せにおける相互作用で成り立つ生命現象について分子レベルで理解するためには、新しい学問分野「ゲノム・遺伝子相関学」の創出が必要と考える。すなわち、注目すべき生命現象で、どの遺伝子・遺伝子産物の組合せがケッティのような軋轢/弱勢を生じさせるのか、

逆に、どの組合せがラバのような調和／強勢を引き起こすのかを解明する学問分野である。

このような「ゲノム・遺伝子相関学」を対象とする研究は、その重要性から動植物を問わず個々の既成の学会中で増加しつつあるが、個別の分野内においては未だマイノリティーである。こうした現状を鑑み、ライフサイエンスにおける我が国の学術水準を、一段高いステージへ引き上げるには、既存の概念に囚われず、これまでの遺伝学の主流であった「単純遺伝学」の範疇を超えた「ゲノム・遺伝子相関学」を世界に先駆けて創成し、研究を進める必要がある。そのことにより、我が国だけでなく、世界的にも当該分野をリードすることができ、当該分野に関わる研究者・教育者の層を厚くすることで、ライフサイエンス分野全体の基盤強化につながる。

② 研究の学術的背景（応募領域の着想に至った経緯、これまでの研究成果を発展させる場合にはその内容等）

ヒトの疾患や生物集団の多様性は、複数の対立遺伝子・遺伝子座が関与する複合遺伝形質として理解され、分子基盤の解明に向けた塩基配列情報の大量取得が急ピッチで進められている。一方で、多様な塩基配列を持つゲノム・遺伝子が、生命現象のどの局面で、どの遺伝子の組合せが、どの様にして軌轢や調和を生み出しているか？という中核部分の理解は不十分である。こうした中、領域代表者は、植物の自家不和合性という自己のゲノムに対し軌轢を示す現象を解析する過程で、「ゲノム・遺伝子相関」の鍵を握ると推察される2つの分子機構の関与を見出した。1つは「エピジェネティック制御」であり、自他識別に関わる対立遺伝子間の「優劣性」を制御していることを発見した（高山, *Nature* 2010）。もう1つは「遺伝子重複・多様化」であり、自己ゲノム排除に関わる雌側因子（細胞毒）の多様化に合わせて、雄側因子（解毒因子）が遺伝子重複により多様性を獲得し、対抗していることを発見した（図2；高山, *Science* 2010）。

近年、これらの「エピジェネティック制御」や「遺伝子重複・多様化」のキーワードで代表される仕組みは、「自他識別」のみならず様々なゲノム・遺伝子相関現象への関与が示唆されつつある。例えば、前述のラバの例の様に、植物にも交雑組合せに「相性」があることが、品種改良の長い歴史の中で知られていたが、雑種子の巨大化や矮小化に「エピジェネティック制御」の関与が、分子レベルで解明され始めている（木下, *Science* 2004）。同様の現象は、愛玩動物ドワーフハムスターの胚発生過程でもみられ、雌雄の交雑組合せにより、胎仔・胎盤の過成長や矮小化が観察される（松田、未発表）。

また、「遺伝子重複・多様化」は、植物の花粉管誘引因子とそのレセプターでも認められ、本系を介した精巧な種間識別の可能性が示唆された（東山, *Nature* 2009）。また、自他識別に関わる因子とそのレセプターから「遺伝子重複」により派生したと推察される遺伝子群が、生殖隔離や種分化に関与している可能性が見出されている（鈴木, *Nature* 2010）。動物でも、脳で発現するドーパミン生合成関連遺伝子の多様化が、ショウジョウバエの交尾行動に影響し（高橋, *Genetics* 2007）、性染色体転座と性染色体上の遺伝子の多様化が、トゲウオ科魚類イトヨに見られる雑種不妊や生殖行動隔離の原因と考えられる（北野, *Nature* 2009）。さらに、植物ホルモンのジベレリンは、古くシダ植物では生殖ホルモンとして機能していたが、合成酵素遺伝子の重複により分子種が増大し、共進的にレセプターも多様化したために、種子植物では多彩な機能の獲得が示唆される（松岡, *Plant Cell* 2009）。こうした「ゲノム・遺伝子相関」は、異種生物が会う際にも親和性・非親和性という形で観察され、例えば、宿主-病原菌の例においては、イネの防御遺伝子とイモチ病菌の感染遺伝子は各々数十以上も存在し、急速に多様性を獲得し共進化している可能性が示唆されている（寺内, *Plant Cell* 2009）。

③ 本新学術領域の目的

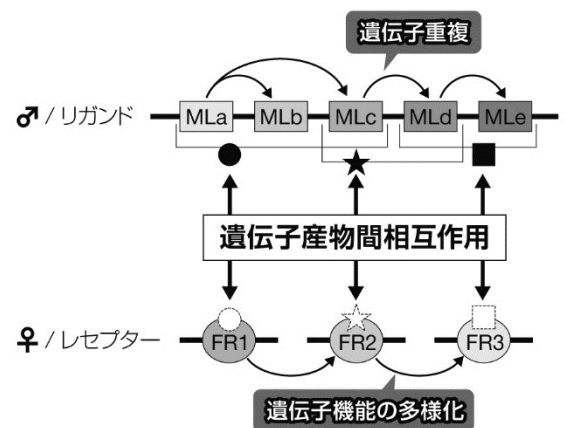


図2. 遺伝子重複による遺伝子機能の多様化

以上述べてきたように、「ゲノム・遺伝子相関」が関わる生命現象は極めて多岐に及び、これらの中には何らかの共通機構・原理が機能していると推察されるが、分子レベルでの理解には至っていないのが現状である。本新学術領域研究では、この様な生物の多様な表現型や複雑な生命現象を生み出す「ゲノム・遺伝子相関」の実体を解明し、それらの中に含まれる共通機構・原理を明らかにすることを目的とする。さらに、これらが複雑かつ多様な生物種を生み出してきた進化の過程を検証し、「ゲノム・遺伝子相関」の概念を取り入れた新たな遺伝学分野の創成を目指す。

④ 本領域の発展がどのように学術水準の向上・強化につながるか。

「ゲノム・遺伝子相関学」は、爆発的なスピードで蓄積されているゲノム配列情報に意味を与え、上位の生命現象解明を可能にする。この研究はライフサイエンス研究で新たな視点、研究戦略を誘起させ、日本に新研究領域「ゲノム・遺伝子相関学」を構築でき、医学、保全生態学分野へも波及する。これは日本発ポストゲノム新戦略であり、学術水準の向上・強化に寄与できる。

2. 研究の進展状況及び成果の概要

本領域が目指す「新しい遺伝学分野」は、目的や利益の異なる異個体間（例えば自己と他者、オスとメスなど）や異種間（例えば病原菌と宿主）などの生命現象の中から、ゲノム・遺伝子レベルでのせめぎ合いを明らかにしつつ、そこにある共通原理や分子機構を紐解いていく挑戦的な新規学問分野である。これらの生命現象では、ゲノム情報の多様性を孕みながら、異なる利益を持つ他者をお互いに折り合いを付ける協調的機構が働く一方で、多様性に折り合いが付かなくなる軋轢が発生する場合は、お互いの相互作用が破綻する共通性を有している。

本領域では、このような「ゲノム遺伝子相関」現象を扱い、かつ最先端研究によりその分子機構に迫りつつある研究者を集めている。班員個々に材料が異なり、研究対象は多岐にわたるように感じられるが、俯瞰してみると、①自他相関、②父母・母子相関、③近縁種・異集団相関、④異種生物相関の4テーマに大別することが可能である（中間評価報告書 項目2. 研究組織（公募研究を含む）と各研究項目の連携状況 図3及び以下図4）。さらに、発足してわずか2年足らずであるが、各班員が明らかにしつつある共通原理、機構を抽出すると、「エピジェネティクス」「遺伝子機能多様化」「シス変異」「遺伝子重複、トランスポゾン」「染色体変化、倍数化」など、生命現象を超えた共通性とその多様性の両方が見えつつある（図4）。まさに「ゲノム・遺伝子相関」が紐解かれつつある進展状況を、以下に順を追って報告する。

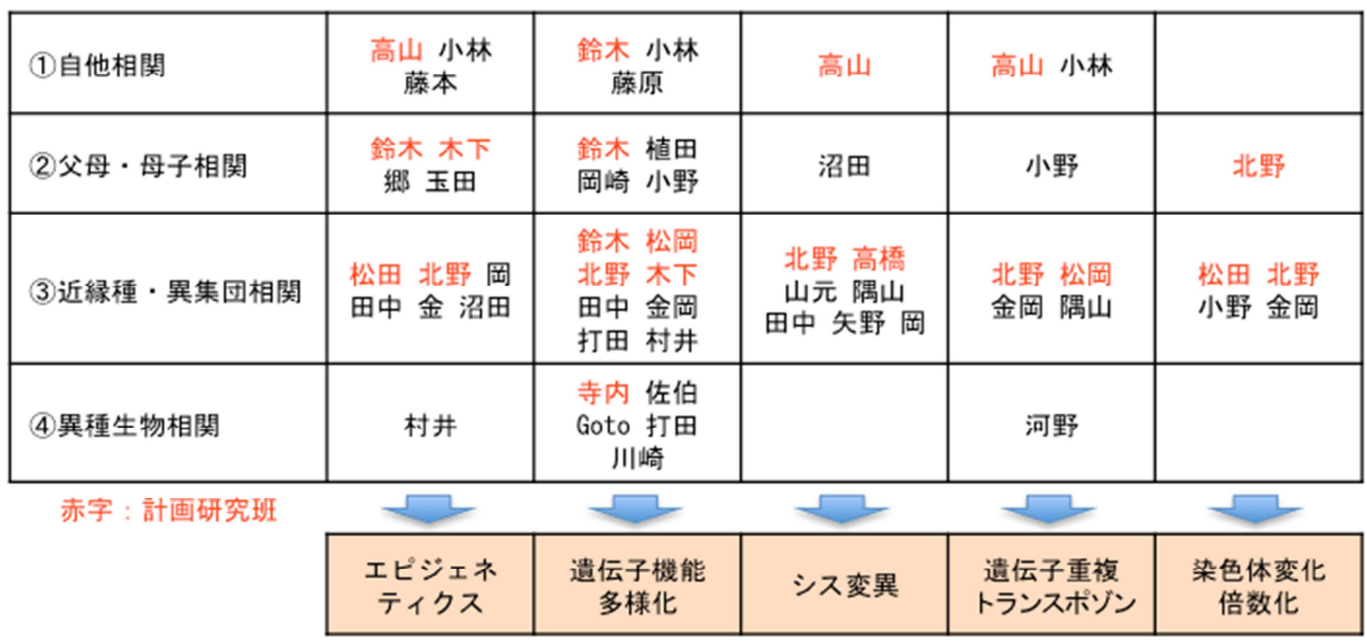


図4. 班員が対象とする生命現象とそこから抽出される共通原理・機構

① 自己と他者の認識における「ゲノム・遺伝子相関」

自他認識機構に関しては、そのモデルを植物の自家不和合性に求めることができる。自家不和合性は、同種集団内の近親交配（自殖）を回避し、遺伝的多様性を維持する仕組みとしても理解されている。メス側因子とオス側因子の相互作用により自他を認識する機構であり、高山班、鈴木班では長年の研究により、自他認識には *S* ハプロタイプの違いが関わることを示してきた。「ゲノム・遺伝子相関」領域研究の発足に際して、自家不和合性分子機構への理解が領域内外の様々な自他認識機構の理解に繋がると考え、アブラナ科とナス科を材料として研究を進めている。アブラナ科では、*S* 遺伝子座にお互いの組換えが抑制されたオス因子とメス因子の両方が座乗し、*S* ハプロタイプとして存在する。オス側では、さらに2つある対立遺伝子のどちらを使うか優劣性決定が行われ、優性側対立遺伝子（Class-I 対立遺伝子群）が miRNA を介した DNA メチル化により劣性側対立遺伝子（Class-II 対立遺伝子群）を抑制することが明らかとなっている（高山, *Nature* 2010）。さらに領域発足後、Class-II 対立遺伝子群の中でも、優劣性が存在すること（高山, *Curr. Opin. Plant Biol.* 2011）、その優劣性決定に第二の miRNA が関わっていることを、鈴木班との共同研究の中から見いだしている（高山, 投稿準備中）。これは、ゲノム遺伝子相関としての「エピジェネティック制御」の重要性を示す好例でもある。なお、同一ゲノム上の miRNA が自己のオス因子の発現を抑制することはなく、「シス変異」の蓄積が確認されている。現在、木下班との共同研究により、モデル植物で本系を再現させて優劣性制御機構の詳細を明らかにすること、また、矢野班との共同研究により、網羅的エピゲノム解析から本機構の普遍性を検証することを目指している。

ナス科植物も、*S* 遺伝子座に座乗するオス・メス因子のハプロタイプの違いを利用して自他識別を行っている。しかし、アブラナ科が1対1のオス・メス因子を用いて自己を認識して自殖を回避しているのに対し、ナス科では、オス因子が非自己のメス因子（細胞毒）を認識し、その機能を阻害（解毒）することで他殖を促進している。さらに、オス因子は「遺伝子重複」によりコピー数を増やして、多数の非自己のメス因子に対応している可能性が示された（高山, *Science* 2010）。しかし、非自己認識機構の詳細や本機構の進化の過程は不明のまま残されている（高山, *Current Opin. Plant Biol.* 2012）。高山班では、これまでに次世代シーケンサーを用い、非自己認識に関わるオス因子を網羅的に同定した。また、非自己のメス因子をオス因子がユビキチン化することで解毒していることを証明した（高山, 投稿中）。また、オス・メス因子の進化系統樹の解析から、両因子が「遺伝子重複」しつつ共進化してきたこと、「遺伝子機能多様化」を獲得したオス側因子が急速に他のハプロタイプに拡散していく経路が明らかになりつつある。おそらくこうした「ゲノム・遺伝子相関」には普遍性が存在すると考えられ、実際、同種花粉管を誘導する Lure 因子（東山, *PLoS Biol.* 2012）における遺伝子重複と種内拡散パターンに共通性が存在すると考えられ、比較解析を共同で進めている。

② 父母、母子における「ゲノム・遺伝子相関」

オス・メスそれぞれの個体には、次世代を担う胚へどのように栄養供給するかを巡って利害関係が存在することが知られている。一般に、動・植物を通じて、オス由来ゲノムは胚への栄養供給を増大させる働きを持つため胎盤や胚乳の肥大化がみられ、メス由来ゲノムは逆に胚への栄養供給を減少させる働きを持つため胎盤や胚乳の萎縮が観察される（木下, *Seminars in Cell & Dev. Biol.* 2008）。こうした現象の原因として、オス由来とメス由来に応じて対立遺伝子のオンとオフが制御されるゲノムインプリンティングが考えられており、木下班ではその DNA 脱メチル化で制御される分子機構と、低分子 RNA による制御の一端を明らかにした（木下, *Dev. Cell* 2011, *Development* 2013）。また、木下班、松田班では、特に、オス・メスゲノムのせめぎ合いの中で、同種の交雑ではそのせめぎ合いのバランスが保たれているが、異種間の交雑ではバランスが崩れ生殖隔離機構として働くことに着目している。動・植物を通じて、異種間交雑を行うとインプリント遺伝子の発現が乱れる共通性を見いだしている（木下, *Plant J.* 2011; 松田, 投稿準備中）。今後、動物実験のアドバンテージ、植物実験のアドバンテージを生かしつつ、動・植物のゲノムインプリンティングの「エピジェネティック制御」機構比較により、共通原理、機構が浮かび上がるものと期待される。また、木下班では、種内のインプリント遺伝子の多様性を調べ、重複した遺伝子にインプリンティ

ングが見つかる傾向を見いだしており、「遺伝子の機能多様化」に「エピジェネティック制御」が関与するものとして興味深い（河邊, 投稿中）。

③ 近縁種、種分化・進化過程、大進化過程での「ゲノム・遺伝子相関」

近縁種間で表現型が分化したり、生殖隔離が確立されたりする過程を繰り返すことで生物多様性は創出されてきた。生殖隔離とは、異種の雌雄間で交配前か交配後の時点で生殖に異常が生じて子孫が作れなくなるという現象であり、まさにゲノム遺伝子相関現象の一つである。交配前隔離の主要因子である求愛行動の分化に関して、高橋班と北野班はホルモンやドーパミン等の化学物質の変化に着目して研究を行って来た。高橋班は近縁ショウジョウバエ集団間でドーパミン合成に関わる酵素の「シス変異」が重要であることを示し（高橋, *Mol. Ecol.* 2011）、また、北野班はイトヨの性ホルモン量が近縁種間で大きく異なることを示すとともにその一因が生殖腺でのホルモン合成酵素の発現差によることを突き止めた（北野, *PLoS One* 2011）。高橋班と北野班は共同して、現在、これらのホルモン・脳内ドーパミンの機能分化やその遺伝基盤を追求している。このようにホルモンや化学シグナル多様化の研究はゲノム遺伝子相関の中で重要な位置をしめており、松岡班では、植物ホルモンであるジベレリン（GA）に着目し、多様な GA 分子および GA 受容体を対象に、植物進化の過程で両因子がどのような分子的多様性や新機能を獲得したかを解析し、大進化過程におけるゲノム・遺伝子相関の抽出を試みている。その結果、4.5 億年前に現れたコケ植物では両因子を持たないが、4.3 億年前に現れたシダ植物以降の植物では両因子を保有することがわかった。また、GA は生長ホルモンとして知られているが、両因子がシダ植物で現れた時には、生長ホルモンとしての作用をもたない一方（松岡, 投稿準備中）、本来の両因子の機能は生殖ホルモンであることを示し、「GA 生殖ホルモン起源説」を提唱している（松岡, *Nature Commun.* 2011）。このように植物大進化の過程で GA の多様化と受容体信号伝達系に何が起こったのかを現在紐解いている。そのためのツールとして、植物進化の解析の鍵となる各植物種で遺伝子発現アトラスを鈴木班、矢野班との共同研究で進めている。このような新たな着眼点でのデータベース構築と遺伝子発現解析手法の方法論は、領域内外の研究にも利益となる。

また人為的に作出した雑種が異常を示す交配後隔離も、ゲノム遺伝子相関の主要現象の一つである。北野班は魚類、松田班は哺乳類・鳥類、木下班ではイネ、鈴木班ではアブラナ科における雑種異常の研究を行い、共通する機構として近縁種間の「エピジェネティクス制御」の分化や「性染色体の関与」、「遺伝子機能の多様化」等が見えてきており、今後も班員間の密な情報交換を行うことで分類群を超えた共通基盤を明らかにして行く。また、核型進化にともなうゲノム・染色体構造の変化は、異種間雑種の性腺の減数分裂における染色体対合の異常を引き起こしたり、新しい変異を生み出したりすることから、雑種異常の主要な要因の一つである。松田班は大規模な比較遺伝子マッピングによって核型進化を（松田, *BMC Genomics* 2012, *PLoS One* 2012）、北野班は文献収集によって哺乳類等の性染色体融合のパターンを明らかにして来た（北野, *Evolution* 2012）。これらの基盤情報は、本領域のみならず進化学や染色体学一般に極めて有用な情報である。

④ 病原菌—宿主間の「ゲノム・遺伝子相関」

病原菌—宿主間のせめぎ合いは、ゲノム・遺伝子相関の中でも最もダイナミックなものの一つであり、性の進化を含めた生物進化の原動力とされる。病原菌—宿主間双方の相互作用に関わる遺伝子には、その遺伝子の配列に特徴的な軌跡の痕跡を示すことから、寺内班では、次世代シーケンサーを活用することにより、近縁種の比較ゲノム解析を通じて、そうした特徴を抽出することで相互作用因子を同定することを進めている。これまでに多数のエフェクターと標的タンパク質を同定してきたが、本領域発足後、いもち病菌の AVR-PiK と宿主の Pik に arms race 型の痕跡を見つけ、生化学解析から両者の相互作用を確認した（寺内, *Plant J.* 2012）。また、いもち病エフェクター候補の 78 遺伝子を網羅的に破壊した実験から、唯一 MC69 遺伝子のみを同定し、いもち病菌の宿主への侵入に必須であることを明らかにした（寺内, *PLoS Pathogens* 2012）。こうした次世代シーケンサー解析の技術整備の実績から、領域内外の研究にも波及する、突然変異体の原因遺伝子を迅速に同定する技術 MutMap 法を開発しており（寺内, *Nature Biotechnol.* 2012）、いもち病菌宿主の Pii 抵抗性遺伝子の同定に成功（寺内, *New Phytol.* 2013）するとともに、領域内の多くのグル

ープの次世代シーケンサー解析の支援にも寄与している。

このように、「ゲノム・遺伝子相関」における多様な現象面とその分子メカニズムが解明されつつあることから、これらの研究内容を領域内の共同研究も踏まえて、review article として発表する。その際、国内発の新しい遺伝学分野の創成ということから、日本遺伝学会誌 Genes Genet. Syst. に特集号として編纂することを現在計画中である。

<応募時に研究領域として設定した研究の対象に照らして、どのように発展したか>

以下に、応募時に研究領域として設定した3つの「研究の対象」における発展状況を記す。

(2) 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

領域に所属する研究者は、研究対象が、動物、植物、微生物と多様であり、専門も「分子生物学」、「生理学」、「生化学」、「遺伝学」、「進化学」、「バイオインフォマティクス」など多様である。こうした背景の異なる研究者がそれぞれの専門性を活かし討論することで、図3に示す様な全班員の90%以上が参画する共同研究が生まれてきた。この大半が本新学術領域結成後に生まれた新たな共同研究である。

(3) 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

寺内班が開発した MutMap 法、打田班の homoSNP 法、矢野班の大規模情報処理など高速シーケンサーに係る最先端のバイオインフォマティクス手法は、生物種を超えて適応可能であり、多くの共同研究が生まれてきた。寺内班は H25 年 6 月にワークショップを、矢野班は H24 年 9 月、H25 年 3 月、6 月に計 3 回の講習会とワークショップを開催し、共同研究を推進してきた。また、金岡班の最先端ライブイメージング技術を介した共同研究も生まれてきている。さらに、小林班による「異なるゲノムのせめぎ合いに対処するために遺伝システムが進化した」とする理論は、多くの領域研究に新たな視点を与えている。

(4) 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

当該領域の研究の発展は、進化、生殖、低分子 RNA などの現在ホットな話題、領域に対して大きな波及効果がある。例えば、他の新学術領域研究を例にあげると、(3101) 動植物アロ認証、(3104) 非コード RNA、(3216) 染色体適応、(3219) 複合適応形質進化、(3305) 非コード DNA などに直接的な波及効果があるといえる。

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、概ね期待どおりの進展が認められるが、一部に遅れが認められる)

1. 総合所見

本研究領域は、古典的遺伝学の枠を超えた新しい遺伝学分野の創成を目指すものである。様々な生物種を扱う遺伝学の専門家が集結し、各計画研究からは興味深い成果が順調に得られている。しかしながら、各計画研究の連携による研究成果に関しては、まだ十分顕在化しているとは言えず、従来のエピジェネティクスの枠にとどまっている感があるため、一部に遅れがあると判断した。種を超えた共通原理の解明、さらにはエピジェネティクスを超えた新学問分野の構築に向けて、「ゲノム・遺伝子相関」という概念をより明確化することが必要である。今後、異種生物間相互作用について、どのような範囲の相関を、どのように解明していくのか、新たな共同研究の方向性も含めて戦略を明確にするとともに、ゲノム相関関係の解析及びエピスタシスに関する研究の推進に当たっては、公募研究等による情報科学分野の研究者の強化が望まれる。

2. 評価に当たっての着目点ごとの所見

(a) 研究の進展状況

個々の研究レベルは高く、連携も進んでいる点で評価できる。しかしながら、まだ生物種を超えた共通事項を模索している段階であり、異分野連携による新たな展開が生まれるまでには至っていない。当初より課題であった「ゲノム・遺伝子相関」という概念がまだ十分に明確になったとは言えない。

新視点・新手法の共同研究については、多様な研究者のオリジナルな視点や手法が展開されている点は評価でき、概ね期待どおりの進展と言える。MutMap 法などの新規技術による共同研究も積極的に行われているが、異種間の相互作用の解析を可能にする共同研究の成果の顕在化には一層の努力が必要と思われる。

他領域への波及効果のポテンシャルは高いと考えられるが、現状では、領域を超えた交流を積極的に進めているという状況ではない。しかし、古くからの問題に対する解決の糸口をつかむなどの成果が得られており、今後の論文発表等により他の研究領域へも波及効果をもたらすことが大いに期待される。

(b) 研究成果

自家不和合性の分子機構、いもち病菌と宿主との相互作用におけるエフェクターの網羅解析など、領域の目的に合致する興味深い成果が各計画研究から順調にあがっている。一方、計画研究間での微生物・動物間、植物・動物間の連携研究が試みられたが、現時点での成果は必ずしも明瞭とは言えない。遺伝学の新しい学問分野の創成、共通原理の解明を目指すには、「ゲノム・遺伝子相関」の概念を明確化した上で、連携研究を進める方策について今後十分検討を重ねる必要がある。

MutMap 法などの生物種を超えて適用可能な手法が開発されてきている点は大いに評価できる。新規技術を駆使し、さらなる研究の加速、共同研究の拡大が期待される。「ゲノム・遺伝子相関」の姿を描き出す最適なモデル系を選定し、開発された新規手法の活用例を示すことが必要と思われる。

遺伝学の新しい学問分野の創成を目指す本研究領域が、波及効果をもたらすポテンシャルは高いと考えられるが、現時点ではその効果は十分顕在化しているとは言えない。関連領域等と合同で情報交換の場を持つなど、今後の発展に期待したい。また、若手研究者の育成やアウトリーチ活動が非常に活発に行われている点は大いに評価できる。なお、アウトリーチ活動については、一部の計画研究に偏っており、今後は他の計画研究においてもより積極的に取り組んでいただきたい。

(c) 研究組織

様々な生物種を扱う遺伝学の専門家を集結して相乗効果を生み出す組織構成となっている。また、若手研究者を中心とした公募研究の採用や若手主催のシンポジウムなど、次世代育成の取組やアウトリーチ活動を積極的に行っている点は評価できる。今後、ゲノム相関関係の解析及びエピスタシスに関する研究の推進に向けた情報科学分野の研究者の強化が課題である。

(d) 研究費の使用

特に問題点はなかった。

(e) 今後の研究領域の推進方策

実績のある研究者が集結しているが、従来のエピジェネティクスの枠にとどまっている感があり、「ゲノム・遺伝子相関」で目指すべき新しい学問分野の創成には至っていない。互いに議論を深めて共有するとともに、計画研究間の連携の強化も行うことにより、エピジェネティクスを超える概念を導き出せるような戦略を打ち出すことを期待する。また、本研究領域内では多くの生物種を扱った研究が展開されており、生物種を超えた共通原理の解明において有効だと思われるが、より効率よく遺伝子相関の研究を進めるためには、生物種を絞って集中的に多くの情報を集めて解析を密にすべきではないかとの意見もあった。また、ゲノム相関関係の解析及びエピスタシスに関する研究の推進に関しては、情報科学の専門家の強化が望まれる。

(f) 各計画研究の継続に係る審査の必要性・経費の適切性

各計画研究の研究成果は順調に得られている。一方で、「ゲノム・遺伝子相関」で構築すべき新学問分野

が必ずしも各計画研究で共有されているとは言えないため、領域内での議論を深め、本研究領域が目指す新しい遺伝学分野の創成に向けた個別の計画研究の位置付けを、より明確にする必要がある。そのため、一部の計画研究について継続の審査が必要である。研究経費については概ね妥当であり、特に問題点はなかった。