

領域略称名：ゲノム遺伝子相関
領域番号：3304

平成28年度科学研究費補助金「新学術領域研究
(研究領域提案型)」に係る事後評価報告書

「ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成」

(領域設定期間)

平成23年度～平成27年度

平成28年6月

領域代表者 (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・高山 誠司)

目 次

1. 研究領域の目的及び概要	8
2. 研究領域の設定目的の達成度	10
3. 研究領域の研究推進時の問題点と当時の対応状況	13
4. 審査結果の所見及び中間評価の所見等で指摘を受けた事項への対応状況	14
5. 主な研究成果（発明及び特許を含む）	16
6. 研究成果の取りまとめ及び公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開発表等）	19
7. 研究組織（公募研究を含む。）と各研究項目の連携状況	24
8. 研究経費の使用状況（設備の有効活用、研究費の効果的使用を含む）	26
9. 当該学問分野及び関連学問分野への貢献度	30
10. 研究計画に参画した若手研究者の成長の状況	31
11. 総括班評価者による評価	32

研究組織 (総括：総括班, 計画：総括班以外の計画研究, 公募：公募研究)

研究項目	課題番号 研究課題名	研究期間	代表者氏名	所属機関 部局 職	構成員数
X00 総括	23113001 ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成	平成 23 年度～ 平成 27 年度	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	9
A01 計画	23113002 交雑適合性に関わる遺伝子間の調和と軋轢の分子機構	平成 23 年度～ 平成 27 年度	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	2
A01 計画	23113003 イネ属胚乳における父・母ゲノムのエピジェネティックな調和と軋轢の分子機構	平成 23 年度～ 平成 27 年度	木下 哲	横浜市立大学・木原生物学研究所・教授	2
A01 計画	23113004 異種ゲノムの不適合性が引き起こす雑種の不妊・発育不全現象の遺伝的制御機構	平成 23 年度～ 平成 27 年度	松田 洋一	名古屋大学大学院・生命農学研究科・教授	2
A01 計画	23113005 遺伝子の重複・変異が生み出す新しい成長メカニズム	平成 23 年度～ 平成 27 年度	松岡 信	名古屋大学・生命機能開発利用研究センター・教授	2
A01 計画	23113006 同一種内異種ゲノムが引き起こすインセスト回避と生殖隔離の分子機構	平成 23 年度～ 平成 27 年度	鈴木 剛	大阪教育大学・教育学部・教授	3
A01 計画	23113007 異種トゲウオ間のゲノム不適合と生殖隔離の分子機構	平成 23 年度～ 平成 27 年度	北野 潤	国立遺伝学研究所・集団遺伝研究系・教授	2
A01 計画	23113008 体色の多様化が生む脳遺伝子の発現変化と性行動不適合性の解析	平成 23 年度～ 平成 27 年度	高橋 文	首都大学東京・理工学研究科・准教授	2
A01 計画	23113009 植物—病原菌相互作用の集団ゲノミクス解析	平成 23 年度～ 平成 27 年度	寺内 良平	公益財団法人岩手生物工学研究センター・ゲノム育種研究部・研究部長	2

計画研究 計 9 件

A01 公募	24113501 宿主と寄生性センチュウ間の和合性的相互作用を規定する遺伝的障害の解析	平成 24 年度～ 平成 25 年度	GOTO Derek	北海道大学・農学研究院・准教授	1
A01 公募	24113502 種間雑種の行動を規定するゲノム・遺伝子関連の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	山元 大輔	東北大学大学院・生命科学研究科・教授	1
A01 公募	24113504 ヘテロだらけ現象の解析	平成 24 年度～ 平成 25 年度	藤原 徹	東京大学大学院・農学生命科学研究科・教授	1
A01 公募	24113506 遺伝子のせめぎ合いから遺伝システムへ：制限修飾系を手がかりとする探究	平成 24 年度～ 平成 25 年度	小林 一三	東京大学・新領域創成科学研究科・教授	4
A01 公募	24113507 哺乳類における Ty3/Gypsy 型レトロトランスポゾン挿入による遺伝子獲得	平成 24 年度～ 平成 25 年度	小野 竜一	東京医科歯科大学・難治疾患研究所・助教	2
A01 公募	24113508 脊椎動物の付属肢形態を多様化させたゲノム遺伝子関連	平成 24 年度～ 平成 25 年度	田中 幹子	東京工業大学大学院・生命理工学研究科・准教授	1
A01 公募	24113509 アブラナ科植物の雑種強勢の分子機構の解明を目指して	平成 24 年度～ 平成 25 年度	藤本 龍	神戸大学大学院・農学研究科・准教授	1
A01 公募	24113510 ゲノム相関がもたらす自然環境下での植物種間交雑を防ぐ受精の可塑性と頑強性	平成 24 年度～ 平成 25 年度	金岡 雅浩	名古屋大学大学院・理学研究科・助教	2
A01 公募	24113511 オス・メス間ゲノムコンフリクティングとその生物学的意味の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	郷 康広	自然科学研究機構・新分野創成センター・特任准教授	2

A01 公募	24113512 宿主からの防御・制裁への対抗に関連する根粒菌側因子が共生の進化に及ぼす効果	平成 24 年度～ 平成 25 年度	佐伯 和彦	奈良女子大学・研究院自然科学系・教授	1
A01 公募	24113513 植物免疫と FI 壊死の多様性構築の基礎となる R 遺伝子への新規変異導入現象の解析	平成 24 年度～ 平成 25 年度	打田 直行	名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所・特任准教授	4
A01 公募	24113514 父母性因子の協働により植物初期胚の体軸が形成される分子機構の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	植田 美那子	名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所・特任講師	2
A01 公募	24113515 遺伝子対遺伝子説の新展開: ペア抵抗性遺伝子による植物免疫の誘導機構の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	河野 洋治	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・助教	1
A01 公募	24113516 マウスにおける母仔遺伝的コンフリクト回避機構の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	岡崎 拓	徳島大学・疾患プロテオゲノム研究センター・教授	2
A01 公募	24113517 ミトコンドリアゲノムによる核遺伝子のエピジェネティック制御機構の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	村井 耕二	福井県立大学・生物資源学部・教授	1
A01 公募	24113518 植物界の統合オミックス解析に基づくゲノム・遺伝子相関機構の解明とデータベース構築	平成 24 年度～ 平成 25 年度	矢野 健太郎	明治大学・農学部・准教授	1
A01 公募	24113519 植物と病原菌の攻防によって生じた遺伝子相関の分子基盤	平成 24 年度～ 平成 25 年度	川崎 努	近畿大学・農学部・教授	1
A01 公募	24113520 新しいゲノム遺伝子相関を創出する脊椎動物特有の遠位エンハンサーによる進化	平成 24 年度～ 平成 25 年度	隅山 健太	国立遺伝学研究所・集団遺伝研究部門・助教	1

A01 公募	24113521 陸上植物の世代交代を制御するエピゲノム・遺伝子発現関連の解明	平成 24 年度～ 平成 25 年度	玉田 洋介	基礎生物学研究所・生物進化研究部門・助教	5
A01 公募	24113522 モノアレル遺伝子発現を指標としたマウス亜種間ハイブリッドのシステム的理解	平成 24 年度～ 平成 24 年度	沼田 興治	理化学研究所・バイオリソースセンター・開発研究員	1
A01 公募	24113523 環境変動によるヒストン修飾を介した植物ゲノムの位相転換	平成 24 年度～ 平成 25 年度	金 鍾明	理化学研究所・環境資源科学研究センター・研究員	1
A01 公募	24113524 エピゲノム構造異常によって引き起こされるマウス亜種間の生殖隔離の解析	平成 24 年度～ 平成 25 年度	木曾 彩子 (岡 彩子)	情報・システム研究機構・新領域融合研究センター・プロジェクト研究員	1
A01 公募	26113701 SRY をもたない哺乳類における新しい性決定遺伝子の同定	平成 26 年度～ 平成 27 年度	黒岩 麻里	北海道大学大学院・理学研究院・准教授	1
A01 公募	26113702 行動の種差を規定するゲノム・遺伝子関連の解明	平成 26 年度～ 平成 27 年度	山元 大輔	東北大学大学院・生命科学研究科・教授	1
A01 公募	26113703 ヘテロだらけ現象の解析	平成 26 年度～ 平成 27 年度	藤原 徹	東京大学大学院・農学生命科学研究科・教授	1
A01 公募	26113704 比較ゲノミクス・メチロミクス・トランスクリプトミクスでのエピゲノム駆動進化の実証	平成 26 年度～ 平成 27 年度	小林 一三	東京大学大学院・新領域創成科学研究科・教授	12
A01 公募	26113705 イネの同質倍数体における形質発現機構の解明	平成 26 年度～ 平成 27 年度	伊藤 純一	東京大学大学院・農学生命科学研究科・准教授	1
A01 公募	26113706 レトロトランスポゾンによる哺乳類母子間ゲノム・遺伝子関連と雑種強勢	平成 26 年度～ 平成 27 年度	小野 竜一	国立医薬品食品衛生研究所・毒性部安全性生物試験研究センター・主任研究官	2

A01 公募	26113707 植物免疫と F1 壊死の多様性構築の基礎となる R 遺伝子への新規変異導入現象の解析	平成 26 年度～ 平成 27 年度	打田 直行	名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所・特任准教授	2
A01 公募	26113708 テントウムシに関連した擬態斑紋をもたらすゲノム・遺伝子相関の解明	平成 26 年度～ 平成 27 年度	新美 輝幸	基礎生物学研究所・進化発生研究部門・教授	1
A01 公募	26113709 生物の生き残り戦略にみられる表現型可塑性を生み出すゲノム遺伝子相関の解明	平成 26 年度～ 平成 27 年度	金岡 雅浩	名古屋大学大学院・理学研究科・講師	2
A01 公募	26113710 父母性因子の協働により植物初期胚の体軸が形成される分子機構の解明	平成 26 年度～ 平成 27 年度	植田 美那子	名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所・特任講師	1
A01 公募	26113711 RNA を介した植物と昆虫の生物界をまたいだ遺伝子発現制御の理解	平成 26 年度～ 平成 27 年度	佐藤 豊	名古屋大学大学院・生命農学研究科・准教授	3
A01 公募	26113712 遺伝子対遺伝子説の新展開:ペア抵抗性遺伝子群による植物と病原体の遺伝子相関	平成 26 年度～ 平成 27 年度	河野 洋治	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・客員准教授 Shanghai Center for Plant Stress Biology・Junior Group Leader	1
A01 公募	26113713 植物幹細胞の生殖生長相転換とエピゲノムの相互作用	平成 26 年度～ 平成 27 年度	辻 寛之	横浜市立大学・木原生物学研究所・講師	1
A01 公募	26113714 染色体活性制御と偽ヘテロクロマチン化の相関	平成 26 年度～ 平成 27 年度	佐渡 敬	近畿大学・農学部・教授	1
A01 公募	26113715 同種および異種配偶子の雌雄不均等融合により作出した受精卵の発生能	平成 26 年度～ 平成 27 年度	岡本 龍史	首都大学東京・大学院理工学研究科・教授	1
A01 公募	26113716 植物オミックス情報の統合解析によるゲノム・遺	平成 26 年度～ 平成 27 年度	矢野 健太郎	明治大学・農学部・准教授	1

	伝子相関機構の解明とデータベース構築				
A01 公募	26113717 陸上植物の世代交代を制御するエピゲノム・遺伝子発現相関の解明	平成 26 年度～ 平成 27 年度	玉田 洋介	基礎生物学研究所・生物進化研究部門・助教	5
A01 公募	26113719 エピゲノム構造の位相転換が担うゲノム進化へのインパクト	平成 26 年度～ 平成 27 年度	金 鍾明	理化学研究所・環境資源科学研究センター・研究員	1
A01 公募	26113720 新しいゲノム遺伝子相関を創出する脊椎動物特有の遠位エンハンサーによる進化	平成 26 年度～ 平成 27 年度	隅山 健太	理化学研究所・生命システム研究センター・ユニットリーダー	2
A01 公募	26113721 シス調節配列多型に依存するマウス亜種間雑種のトランスクリプトームの解析	平成 26 年度～ 平成 27 年度	木曾 彩子 (岡 彩子)	情報・システム研究機構・新領域融合研究センター・プロジェクト研究員	1
公募研究 計 42 件					

1. 研究領域の目的及び概要（2ページ以内）

研究領域の研究目的及び全体構想について、応募時に記述した内容を簡潔に記述してください。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、研究の学術的背景（応募領域の着想に至った経緯、応募時までの研究成果を進展させる場合にはその内容等）を中心に記述してください。

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。

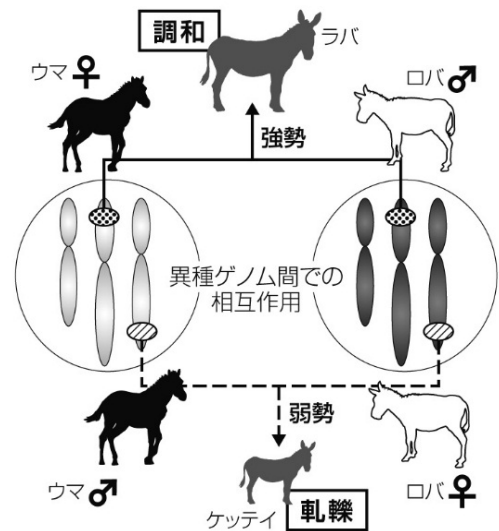


図1. 単純遺伝学のみでは説明できない現象例

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げることができる。

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進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、どの様にして軋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軋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、共進化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

以上述べてきたように、「ゲノム・遺伝子相関」に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。

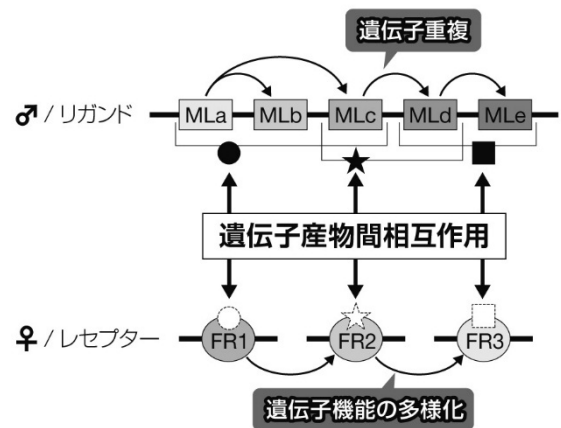


図2. 遺伝子重複による遺伝子機能の多様化

2. 研究領域の設定目的の達成度（3ページ以内）

研究期間内に何をどこまで明らかにしようとし、どの程度達成できたか、また、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の達成度合いについて、具体的に記述してください。必要に応じ、公募研究を含めた研究項目ごとの状況も記述してください。

遺伝学は、生物種が持つ形質の多様性に着目して、その遺伝様式を解析する学問としてスタートした。しかし、前世紀においては複数の遺伝子が絡む複雑系の解析には対応できず、遺伝学はもっぱら扱い易いモデル生物を中心に、突然変異体の解析からその原因遺伝子へ迫る手段として用いられることとなった。とは言え、その威力には目を見張るものがあり、遺伝学的手法を基盤として次々と生体分子の機能解明がなされていった。こうした橋頭堡を足場にして、今日のライフサイエンスが発展してきたと言っても過言ではない。21世紀に入り、様々なモデル生物のゲノム情報が解読され、設計図に描かれた遺伝子数の上限がわかると、一つ一つの遺伝子の機能を解析する研究は、益々加速していった。と同時に、個々の遺伝子に着目した遺伝学的手法、すなわち、均質なゲノムを持つモデル生物の一つ一つの遺伝子を改変して表現型と結びつける手法だけでは、得られる情報が飽和し、限界が見えてきたことも事実であった。ここに来て改めて、生物種が示す多様な表現型に着目し、複雑系のまま生命現象を理解しようとする新たな遺伝学の誕生が、求められるようになってきた。折しも、次世代シーケンサーの台頭により、個々の個体のゲノムを比較的容易かつ安価に解析できるという技術革新を迎えることになった。こうして、多様な遺伝子の相互作用により形成される「個性」までを扱う時代の到来を受けて、異分野の研究者が集結し、新たな遺伝学のあり方を模索する議論の上に、2011年に発足したのが本新学術領域「ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成」であった。

研究領域を設立する際に、我々が最も重視したことは、単純遺伝学では説明できない複雑な生命現象を、いかに理解するかである。均質なゲノムを持つモデル生物を用いて紐解かれた生命現象の分子基盤は、ライフサイエンス分野における氷山の一角に過ぎず、複雑な対立遺伝子構成を持った集団における多様な表現型の研究は、手つかずのままであった。例えば、モデル生物では、「A 遺伝子」と「B 遺伝子」に関連がある場合、両者の相関は基本的に一義的に決まってくるが、ヒトなどの実際の生物集団では、多くの対立遺伝子構成が存在する分だけ考慮すべき組み合わせが増え、相関の仕方も異なってくる。さらには、多くの場合、遺伝子にはエピジェネティックな制御が存在し、局面やわずかな塩基配列の違いにより、遺伝子発現に対する制限要因がさらに多様化する。本領域では、複雑な対立遺伝子構成などを意識した遺伝学分野という意味で「ゲノム・遺伝子相関学」という新しい学術分野を提唱した。「ゲノム・遺伝子相関学」では、多様な生物の間での相互作用、数多く存在する遺伝子とそのバリエーション、遺伝子発現システムの多様性、また、それらの相互作用を考慮すると膨大な複雑システムに対峙することが必要不可欠であり、有効かつ新たなアプローチを考える必要があった。そこで、本領域では手はじめとして、均質なゲノムを持つモデル生物を用いた研究では対処できない興味深い生命現象を扱う研究テーマの中から、「ゲノム・遺伝子相関」を見出し、その共通原理、共通機構を抽出することを5年間の領域目標とした。

5年間の領域運営を終えて、当初の「ゲノム・遺伝子相関学」という新しい遺伝学分野を創成する目標は、概ね達成できたと考えている。多様なゲノムに由来する「ゲノム・遺伝子相関」は、生命現象に普遍的に寄与することが予想され、本新学術領域研究の発足当初は、各班員は従来の遺伝学の問題点を共有し、新しい遺伝学を創成するというベクトルは共有しつつも、対象の広さに戸惑う向きもあった。一方、班会議、若手の会においては、この新しい学問領域のあり方に関する議論は、若手研究者を中心に常に白熱し、まさに黎明期の議論そのものであった。様々な議論の結果、「ゲノム・遺伝子相関学」として本領域の目指す目標は、多くの生物・生物集団の設計図であるゲノム配列の多様な成り立ちを、深く掘り下げることに集約されていった。特に、① 集団内の多様なゲノム構成を生み出す背景として、有性生殖による雌雄ゲノムの出会いや、異種生物間の共生・競争による異種ゲノムの出会いなど、生物学的協調・軋轢を生む注目すべき「生命現象」が複数存在すること、② 一方、こうした協調・軋轢に対応すべく、多様なゲノム構成やゲノム間の多様な相互作用を生み出す、注目すべき共通機構・原理が複数存在すること、③ こうした様々な協調・軋轢を介した多様なゲノム構成の選抜過程は、明確な進化の痕跡を残すこと、の3点を捉えることに集約されていった。従来の研究では、これらの要因が様々な方向性を持ちつつ、個別に研究がなされていた。例えば、ゲノム解析は通常とは異なるゲノム配列パターンを検出しようとするが、そこに存在する生命現象や分子機構を言い当てることは困難であった。また、興味深い生命現象の解析、その分子機構の解析のみでは、生物の営みのスナップショットを見ているだけに過ぎず、ゲノム遺伝子相関学の範疇とは言えなかった。

本領域が発足し、問題意識を共有する研究者が一堂に会し議論を尽くすことで、新しい分野横断的

な学問分野を樹立できたことが、最大の成果であったと言える。以下にその詳細を紹介する。

< 自己認識におけるゲノム・遺伝子相関 >

自己と非自己の識別は、生物学における基本的かつ本質的なテーマであり、膨大な研究例のある最先端研究分野でもある。例えば、有性生殖においては、自家不和合性に代表される交配相手の選別、病原菌と宿主の攻防といった同種他者・異種生物間の生存競争において、多様なゲノムや遺伝子は自己の存続をかけた生物学的な競争を展開する。すなわち、ここに「ゲノム・遺伝子相関」の実例をみることができる。領域代表の**高山**は、有性生殖を通じてゲノムの多様性を保持するために、敢えて非自己と交配する「自家不和合性」における自己識別機構の解明を進め、その仕組みを「自己認識・拒絶」と「非自己認識・許容」に大別出来る可能性を提唱し (**高山 Curr. Opin. Plant Biol.**, 2012)、これを実験的に証明した。

自己認識に関しては、アブラナ科植物において、同一のハプロタイプ上にコードされたオス側花粉因子とメス側雌ずい因子の相互作用により自己を認識し、Ca²⁺シグナル系を活性化して自己を特異的に拒絶する仕組みの詳細を解明した (**高山 Nature Plants**, 2015a)。非自己認識では、ナス科植物において、異なるハプロタイプ上にコードされた花粉因子と雌ずい因子の相互作用で非自己を認識し、ユビキチン化を介して非自己の花粉との受精を特異的に促進する仕組みを解明した (**高山 Nature Plants**, 2015b 創刊号表紙)。さらに、両仕組みの進化の過程を検証し、前者が両因子の相互作用を保持したまま共進化する鏡像の **Balancing selection** 型の進化の痕跡をゲノムに残すのに対して、後者は多くの非自己を識別するために花粉因子は遺伝子重複により遺伝子数を増大させると共に、組換えを促進した **Selective sweep** 型の痕跡を示すことを明らかにした (**高山 Nature Plants**, 印刷中)。特に、この後者における進化の痕跡において、計画班員の**寺内**が、いもち病菌のエフェクターとイネ宿主の抵抗性遺伝子間の非自己認識系において見いだした **Selective sweep** 型の痕跡と極めて類似しており、(**寺内 Plant J.**, 2012)、「遺伝子相関はゲノム DNA 上に特定の痕跡を残す」という理論が実証される形となった。**寺内**は、さらに独自に開発した MutMap 法 (**寺内 Nature Biotech.**, 2012, 2015) などを駆使していもち病に対する新たな抵抗性遺伝子の同定にも成功するとともに、領域内での次世代シーケンサーのデータ解析技術の共有に大きな役割を果たした。

< 父母ゲノム・遺伝子相関 >

有性生殖過程では、異種ゲノムが交じり合うことにより新たな多様な個体が産み出される。ここにおいても、「ゲノム・遺伝子相関」の共通原理、機構を求めることができると考えた。**高山**は、自家不和合性の対立遺伝子間の「優劣性」を題材に取り上げ、優性側の対立遺伝子の近傍から作られる低分子 RNA を介した DNA メチル化により、劣性側の遺伝子発現が抑制されるエピジェネティックな現象を明らかにしてきた。さらに、8つの対立遺伝子間の複雑な優劣性関係について徹底的に解析し、この低分子 RNA を介したエピジェネティックな制御が、全ての優劣性関係を説明する共通原理であることを示した (投稿中)。さらに、全く別の **dominant negative** 作用を示す機能欠損遺伝子が、野生型対立遺伝子をエピジェネティックに抑制する例を発見し、「優劣性」として知られる古典的遺伝学の現象の中に、エピジェネティック制御が深く関与することを世界に先駆けて発見した。

計画班員の**木下**と**松田**は、父母ゲノム間の違いを産み出すゲノムインプリンティングの分子機構について、植物と動物を対比させる形で研究を展開した。インプリント遺伝子は、父母ゲノムの間で発現が異なるが、**木下**は、この制御にもエピジェネティックな DNA メチル化が関与していることを明らかにしてきた。このインプリント遺伝子の発現のバランスは、同種の交雑では保たれているが、異種間の交雑では攪乱が生じ、植物では胚乳、動物では主に胎盤に異常が生じることを明らかにした (**木下 Plant J.**, 2011, 2013; **松田** 投稿準備中)。しかし、動物では生殖細胞系列における *de novo* のメチル化によってインプリント遺伝子の発現が制御されているのに対し、植物では中央細胞における DNA 脱メチル化が鍵を握り、さらに低分子 RNA がインプリント遺伝子の制御に関与することを明らかにした (**木下, 高山 Dev. Cell**, 2011, **木下 Development**, 2013; **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 2014)。このように、動植物の生殖様式を反映した DNA メチル化の制御機構の違いと、エピジェネティック情報制御として DNA メチル化と低分子 RNA をインプリント遺伝子制御に用いることなど、収斂した共通性がみられ「ゲノム・遺伝子相関」の共通原理の抽出に寄与している。

< 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」 >

異種の雌雄間で、交配前あるいは交配後に生殖の異常が生じて子孫が作れなくなるという生殖的隔離は、ゲノム・遺伝子相関現象の中で重要な位置を占めている。この生殖的隔離を引き起こす要因の一つが、適応による表現型の分化である。計画班員の**高橋**と**北野**は、適応によるゲノム配列の分化や交配前隔離の主要因子である求愛行動の分化に関して、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、適応形質である体色と生殖的隔離につながる行動の進化にとって重要であることを示し（高橋 *Mol. Ecol.*, 2011; *Mol. Ecol.*, 2015）、北野は、イトヨ近縁エコタイプ間の性ホルモン量をコントロールする生殖腺でのホルモン合成酵素の発現量が、重要であることを明らかにした（北野 *PLoS One*, 2011; *Evol. Ecol. Res.*, 2013）。これらのことから、行動に影響を与える代謝系酵素の多様化、また、ゲノムの変化の中でも遺伝子発現制御の多様化が、遺伝的不適合のキー要因となっていることが垣間見えてきた。また、高橋と北野は、遺伝的不適合の引き金となる近縁集団間における適応変化の違いに着目し、近年導入されたイトヨ集団の環境適応過程において、近縁種から侵入したゲノム領域が重要な役割を果たしたことを共同で明らかにし（北野、高橋 *Ecol. Evol.*, 2016）、研究材料が異なる班員間での共同研究を取りまとめた。

計画班員の松田は、異質4倍体であるアフリカツメガエル(*Xenopus laevis*)の同祖染色体のゲノム構成の詳細を明らかにし（松田 *Heredity*, 2013; *Cytogenetics Cell Genet.*, 2015）、さらに2倍体種のネツタイツメガエル(*X. tropicalis*)のゲノム情報との比較によって、「遺伝子機能の多様化」、「ゲノム重複」などアフリカツメガエルのゲノム進化の過程を解明した。この成果は現在、トップジャーナルに投稿中であり、2度目の改訂論文が審査中である（*Nature*, 改訂中）。「ゲノム・遺伝子相関学」の基盤となる異質倍数体進化へのゲノム情報が得られたことは、今後、本分野が益々注目されるための題材と言える。また、*Phodopus* 属ハムスターの種間雑種の雄性不妊の主要因が、第一減数分裂におけるX-Y染色体の対合異常であることを明らかにした（松田 *Sci. Rep.*, 2015）。さらに、ニワトリウズラ間の属間雑種の胚性致死が主に発生初期の原条形成の異常によって引き起こされることを解明し、トランスクリプトーム解析によって、この時期に発現変動が見られる遺伝子を検出した（松田 *Sci. Rep.*, 2016; 投稿準備中）。本研究を進めるうえで、ニホンウズラのゲノムアセンブルデータをさらに高度化し、ゲノムブラウザを開設して公開することによって、ウズラゲノム情報の提供にも貢献した（松田、郷, 投稿準備中）。

計画班員の松岡は、植物ホルモンであるジベレリン(GA)の植物大進化過程における「ゲノム・遺伝子相関」の基本原則、共通機構の抽出を試みた。被子植物では生長ホルモンとして細胞の伸長に働くGAが、シダでは細胞伸長応答がないことを見いだした。さらに、シダではGAMYBの経路が既に存在しており花粉形成に働く生殖ホルモンであったことを提唱した（松岡 *Nature Commun.*, 2011）。さらには、真性シダの「カニクサ」では、先に成熟し雌へと分化する前葉体がGA合成の中間産物のアンセリジオーゲン(AN)をフェロモンとして放出し、それを遅れて発生する前葉体に取り込みGAへと変換し受容することで、雄の個体形成がはじまることを発見した（松岡、矢野 *Science*, 2014）。この発見に先立ち、松岡と計画班員の鈴木、公募班員の矢野は、植物進化の重要な位置にある真性シダで、ゲノムサイズが約11 Gbpのカニクサの様々な器官を材料にRNA-seqを行い、トランスオミクス解析の方法論を模索し、カニクサにおける遺伝子発現アトラスを作成した（松岡、鈴木、矢野 *Plant Cell Physiol.*, 2015）。こうした領域班員間共同研究により作成されたデータベースを基盤に、GA合性系遺伝子、GA受容システム、シグナル経路、転写因子群、それぞれの「モジュールの使い分け」や、「遺伝子発現調節」により、全く異なるホルモンの作用を植物が獲得してきた経緯が明らかとなった。低分子化合物を介した「ゲノム・遺伝子相関」の進化に関する新たなモデル系を提唱した。

<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生物間相互作用の中でも最も着目すべき対象の一つであり、オス・メスのせめぎ合いと共に生物進化の原動力とされる。本研究対象においては、病原菌と宿主間のせめぎ合いを支える分子機構の多くが紐解かれており、ゲノム解析の格好の対象となっている。そのような状況の中、計画班員の寺内は、次世代シーケンサーのデータの解析手法の確立と応用を行ってきている（寺内 *MutMap* 法: *Nature Biotech.*, 2012, 2015）。いもち病菌のエフェクタータンパク質と宿主の抵抗性タンパク質は、arms race 型の進化を繰り返す。次世代シーケンサーをフル活用して、集団ゲノミクスの手法で切り込むことにより、多くのエフェクター遺伝子と抵抗性遺伝子を見いだしてきた（寺内 *Plant J.*, 2012; *PLoS Pathogens*, 2012; *New Phytol.*, 2013; 寺内、河野 *EMBO J.*, 2014 など）。公募班員の川崎、河野らは、それぞれエフェクター分子のキチンに対する抵抗性タンパク質のシグナルカスケードを明らかにし、「ゲノム・遺伝子相関」を支える分子基盤を明らかにした（川崎、河野 *Cell Host Microbe.*, 2013）。寺内はさらに、国際共同研究によりイネの抵抗性タンパク質の一つPik-1のHMAドメインのとエフェクタータンパク質AVR-Pikとの結合結晶構造を明らかにした。これは、研究例が最も多いNBS-LRR型エフェクタータンパク質の世界初の結合結晶構造の知見であった（寺内 *eLIFE*, 2015）。このように、寺内は「ゲノム・遺伝子相関」に着目することにより効果的に病原菌—宿主間に相互作用のある分子を同定することに成功している。

3. 研究領域の研究推進時の問題点と当時の対応状況（1ページ以内）

研究推進時に問題が生じた場合には、その問題点とそれを解決するために講じた対応策等について具体的に記述してください。また、組織変更を行った場合は、変更による効果についても記述してください。

特になし。

4. 審査結果の所見及び中間評価の所見等で指摘を受けた事項への対応状況（2ページ以内）

審査結果の所見及び中間評価において指摘を受けた事項があった場合には、当該コメント及びそれへの対応策等を記述してください。

<審査結果の所見において指摘を受けた事項への対応状況>

採択後の審査結果所見には、【本研究領域は、個々の遺伝子のはたらきをゲノムの中でのふるまいとして捉えようとする試みで、従来の古典遺伝学の枠をこえて、エピジェネティック制御、インプリント遺伝子制御、遺伝子重複・多様化といった「ゲノム・遺伝子相関」の視点によって明らかにしようとするものであり、新たな学術領域を創出し、将来性も期待できると評価できる。メンバーは動・植物の枠にとらわれず、哺乳類、植物、魚類、昆虫など幅広い対象を研究する、実績と経験のある研究者が配置され、実現可能性も高いものと評価できる。その一方で、カバーする範囲が広範で総花的な感が否めず、公募を含めて過多の多様化を避け、基本原理の追求をめざすべきであるという指摘もあった。また、書面審査では「ゲノム・遺伝子相関」という概念が十分につかめなかったが、プレゼンテーションにより領域のめざすところが明確になり、代表者のオリジナリティーに満ちた研究内容とともに、領域の重要制がよく把握できたという意見もあった。総括班では機器整備とアウトリーチ・シンポジウムを企画するなど情報発信を計画しており妥当である。その一方で、近畿・中部地方の研究者が大部分を占め、オールジャパンの体制になっているのか疑問であるという意見や、理論科学者や遺伝医学者などが加わることにより、さらに大きな相互作用が見込め、新しい学問領域を生み出せる可能性がたかまるのではないかと指摘もあった。】との貴重なご意見を賜った。対応を検討した点は以下の2点に集約される。

・「本領域がカバーする範囲が広範で総花的な感が否めず、公募を含めて過多の多様化を避け、基本原理の追求をめざすべきである」という指摘に対する対応

この点は、公募班員の募集・採択方針に直接的に関わるものであったため、公募要領の中に全体として「共通機構・原理」を明らかにすることが目的であることを明記すると共に、キックオフミーティングや領域ホームページを活用して研究方針の周知を図ると同時に、各種学会に赴き領域の公募に関する広報をおこなった。また、選考に当たっては、単に複雑系を扱っているというだけの研究ではなく、1) 「ゲノム・遺伝子相関」の実体解明が期待できる研究、2) 新たな共通機構・原理の発見に繋がる可能性のある研究、3) ゲノム・遺伝子相関を派生させる仕組みや進化の過程の解明に繋がりうる研究、4) 新たな解析技術・方法論を提示しうる研究、のいずれかに相当することを採択基準とした。

・「理論科学者や遺伝医学者が領域へ参画すべき」という指摘に対する対応

本件に関しても、公募班員の採択方針を班員間で議論した。特に、理論科学者の参加を公募要項に明記するとともに、採択会議では領域代表より採択方針に関して審査員に説明がなされた。その結果、理論科学者が手薄であるなか、理論科学を専門に行う公募班員、理論科学と実験生物学の両方に精通した多くの研究者を公募班として採択するに至った。

<中間評価の所見等で指摘を受けた事項への対応状況>

平成25年度に行われた中間評価では、総合所見において【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結集し、各計画研究から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。】という大変貴重な所見を頂くとともに、一つの計画班において再審査の評価を頂いた。

総合所見や個別の所見は、いくつかのポイントがあり、それぞれの対応に関して以下に記述する。

・「ゲノム・遺伝子相関の概念が不明瞭である」という指摘に対する対応。

「ゲノム・遺伝子相関」は、従来の遺伝学で「優劣性」や「エピスタシス」といった言葉で説明さ

れていたものを、具体的なゲノムや遺伝子間の相互作用の実体として分子レベルで捉えることを目指すものであった。しかし、すべての生命現象に深く関わる広い研究対象であるために、発足当時は班員の中でもこの共有概念に対する捉え方は確かに多様であった。しかし、本領域における班会議、若手の会を通じて今後目指していくべき遺伝学のあり方について議論を展開する中で、本概念は「**2. 研究領域の設定目的の達成度**」に記載した通り、領域内外に深く浸透していったと実感している。本領域が発足し、ベクトルが同じ研究者が一堂に会し議論を尽くすことにより、新しい分野横断的な学問分野を樹立したことが、本新学術領域の最大の成果であったと考えている。

- ・「各班の連携による研究成果が十分に顕在化していない」という指摘に対する対応

各班の扱う生物が、微生物、動物、植物と多様であり、解析対象とする生命現象も極めて多岐に渡っていたため、具体的な共同研究成果を論文報告などの形へ顕在化するのが困難な研究領域であった。そこで、本領域の目標に立ち返り徹底した議論を基盤に、共通原理、共通機構を抽出することにより個々の研究の位置づけを明確にすることで、領域全体としての研究の加速化を図った。連携が強化されたことを反映して、生物種や現象によらない横断的なワークショップやシンポジウムを毎年複数企画し、いずれも好評を得た。また、最終年度に開催した国際シンポジウムでは、異なる研究対象、生物材料を対象とする雑多な研究者の集まりのなか、白熱した議論が繰り広げられた。招待した異分野外国人研究者からも一様に実りある国際シンポジウムであったとの評価を得た。新学術領域研究が目指す異分野連携により「ゲノム・遺伝子相関学」を創成できたと考えている。

- ・「情報科学の強化が望まれる」という指摘に対する対応

情報解析を中心に研究を進めている計画班員の寺内が中心となり、情報科学に関する2泊3日の宿泊形式でのワークショップ・トレーニングコースを主催し、領域若手研究者を多数参加させた。若手研究者を中心に統計学、プログラミング、*in silico* データ解析が徐々に浸透し、MutMap 法などの解析手法において領域全体に波及効果があった。また、公募班員の矢野が中心となり、オミクスやデータベース解析に関するワークショップや講習会を毎年共催し、情報科学の強化に努めた。

- ・計画班員の松岡の再審査研究課題に関して受けた「領域内における本計画研究の位置付けをより明らかにする必要がある。またゲノムサイズが大きく、ゲノム情報が整備される予定がない「カニクサ」を利用する利点分かりにくい」という指摘に対する対応

これは、中間評価において以下の2点の説明が不十分であったことが原因と考えられた。1) 植物ホルモンのジベレリンがどのように雌雄分化という「ゲノム・遺伝子相関」の中心課題と関連するのかの説明と、2) 本相関現象を獲得したのがシダ植物（カニクサ）であり、ゲノムサイズが大きくゲノム情報の取得は困難であるため、RNA-seq で対応可能と考えていたことの説明。そこで、この2点を研究計画調書に明記することで、再審査では継続承認の判定を得るに至った。

なお本新学術領域研究期間内において、1) に関しては、先に発生した前葉体がアンセリジオーゲンというジベレリン前駆体を生合成し、これを性フェロモンとして放出すること、これを後から発生した前葉体がジベレリンにまで変換し、それを受容して GAMYB 系を動かして造精器を発達させ雄に分化することを明らかにした（松岡 *Nature Commun.*, 2011; *Science*, 2014）。つまり、低分子化合物の生合成系を2つに分けて、中間代謝物を介して性の分化を調節するという全く新しいタイプの「ゲノム・遺伝子相関」の発見に繋がった。また、上記解析において、ジベレリン合成系遺伝子、受容系遺伝子を網羅的に解析する必要があったが、実際に2) の問題に関して RNA-seq により対応し、上記ストーリーを紐解き大きな研究成果を得ることに成功した。また、RNA-seq データはゲノム情報の整備されていない真性シダ類における初のトランスクリプトームデータとして公開され、多くの研究者に利用されるに至っている。

- ・個別の所見にて受けた「アウトリーチ活動が一部の班員に偏っている」との指摘に対する対応

本件に関しては、非常に優れたアウトリーチ活動を展開している班員がいることが原因と考えられた。本班員は、アウトリーチ活動に関して平成25年度野依科学賞の表彰を受けるなど、卓越した手腕を持っている。そこで、アウトリーチ活動のノウハウを班員間で共有するため、班会議において小学生向けの模擬授業を行って貰った。こうした領域の活動、意思疎通によって、質の高いアウトリーチ活動が他の班員にも波及したことが期待できる。

5. 主な研究成果（発明及び特許を含む）【研究項目ごとに計画研究・公募研究の順に整理する】

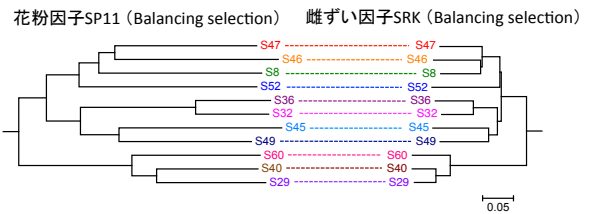
（3 ページ以内）

本研究課題（公募研究を含む）により得られた研究成果（発明及び特許を含む）について、新しいものから順に発表年次をさかのぼり、図表などを用いて研究項目ごとに計画研究・公募研究の順に整理し、具体的に記述してください。なお、領域内の共同研究等による研究成果についてはその旨を記述してください。記述に当たっては、本研究課題により得られたものに厳に限ることとします。

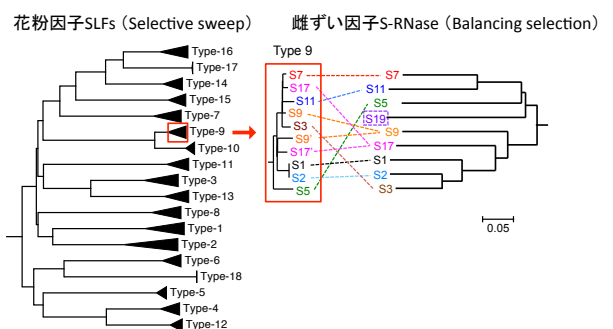
・自家不和合性における自己認識システムと非自己認識システム機構の解明と進化【高山班】

アブラナ科植物では同一 *S* ハプロタイプ上の花粉因子 SP11 と雌ずい因子 SRK の相互作用を介して自己を認識し、雌ずいの細胞にグルタミン酸受容体を介した Ca^{2+} 流入が起き (Nature Plants, 2015a)、花粉への小胞輸送を介した Ca^{2+} 供給が阻害されることを明らかにした (Plant Cell, 2014)。一方、ナス科植物では、各 *S* ハプロタイプにコードされた 18 種類の花粉因子 SLFs を用いて毒性のある非自己の雌ずい因子 S-RNase を全て認識・解毒し、受精を促進していることを明らかにした (Nature Plants, 2015b)。なお、自己認識システムでは花粉因子と雌ずい因子が *S* ハプロタイプ間で組み換わることなく共進化し、両者は鏡像の Balancing selection 型の進化の痕跡を残すのに対し、非自己認識システムでは花粉因子遺伝子が *S* ハプロタイプ間で組換えを起こし、Selective sweep 型の進化の痕跡を残すことを明らかにした (Nature Plants, 印刷中)。

自己認識システム(アブラナ科)



非自己認識システム(ナス科)



・ミトコンドリアに端を発する DNA 脱メチル化の機構【木下班】

インプリント遺伝子の発現を指標に、複数の DNA 脱メチル化の変異体を解析し、ミトコンドリアに端を発する細胞質の Fe-S クラスター生合成経路が DNA 脱メチル化酵素の活性発現に必要であることを明らかにした (New Phytol., 2013, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2014)。

・DNA 脱メチル化とヒストンシャペロンの関係を解明【木下班、高山班共同研究】

インプリント遺伝子の制御異常変異体から FACT ヒストンシャペロンが中央細胞特異的な DNA 脱メチル化に関与していることが明らかとなった。両班は、生殖器官の中から、中央細胞をインタクトで単離することについて、共同して研究を進めた (Dev. Cell, 2011)。

・ゲノム重複後に起きたゲノム進化の過程を倍数体ツメガエルで解明【松田班】

異質四倍体種のアフリカツメガエル (*Xenopus laevis*) の染色体に大量の cDNA と BAC クローンをマッピングし、ゲノム配列情報と統合してゲノム地図を作製することにより、同祖染色体とその起源を識別した (Heredity, 2013; Cytogenet. Cell Genet., 2015)。更に、二倍体種 (*X. tropicalis*) ゲノムとの比較によって異質四倍体化にともなう遺伝子機能の多様化や遺伝子喪失パターンを解明した (Nature, 改訂中)。

・アブラナ科の乳頭細胞遺伝子発現アトラスを構築～「ゲノム・遺伝子相関」の解析基盤を整備～【鈴木班、高山班、矢野班共同研究】

レーザーマイクロダイセクションと次世代シーケンサーを組み合わせた単一細胞特異的な遺伝子発現解析法を確立した。本方法を用いてオス側花粉とメス側の雌蕊が相互作用する、乳頭細胞に限定した高精度遺伝子情報リストを構築し、さらにインフォマティクスを駆使してデータベースを整備した。本データベースは、ゲノム遺伝子相関の共通原理抽出のための解析基盤となった (Plant Cell Physiol., 2013, 2015)。

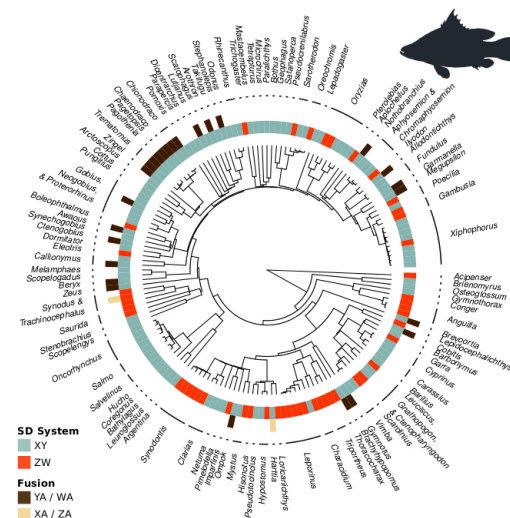
・Amp-seq を用いた新たな実験手法によりシス制御領域の進化過程を解明【高橋班】

標準系統とかけ合わせ、 F_1 個体のアンプリコンシーケンスを行うという新たな手法により、ショウジョウバエのメラニン合成系（ドーパミン代謝系）遺伝子群のシス因子により制御された遺伝子発現量の定量解析を行った。その結果、これまで種間のシス遺伝子発現制御配列の進化モデルになって

きた、モジュール型エンハンサーによるシンプルな進化様式とは対照的な種内変異の複雑さが明らかとなった(Mol. Ecol., 2015)。

・染色体の融合や分離を引き起こす進化の原動力を解明【北野班】

染色体構造の変化は、近縁種間での表現型の多様性や生殖隔離を引き起こす。まず、性染色体の構造変化について概観したのち(PLoS Biol., 2014)、脊椎動物における構造転換率とその理論基盤を報告した(PLoS Genet, 2015; Evolution, 2012)。また、性染色体の構造変化が遺伝子進化に与える影響について、ネオ性染色体を持つ極東アジア固有種のニホンイトヨの全ゲノムを解読することで解明した(PLoS Genet, 2014)。遺伝子重複がヒトの病気や環境適応に与える影響についても報告した(Nature Commun., 2013; Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2012, 2014)。特に、全ゲノム重複の進化的重要性に関しては、NHK サイエンス zero で紹介された(2015年7月26日放送)。



・植物ホルモンジベレリンの起源を解明【松岡班、矢野班共同研究】

進化的に重要な位置をしめる真性シダ植物カニクサを用い、雌雄分化の仕組みを調べたところ、先に成熟した雌性前葉体からジベレリンの前駆体アンセリジオーゲンが性フェロモン様に放出され、後から発生した前葉体に取り込まれた後にジベレリンへ変換され、雄性への分化が誘導されていることが明らかとなった(Science, 2014)。このことは、植物進化の過程ですでに存在している遺伝子群を用いて、遺伝子重複による新機能獲得などの「ゲノム・遺伝子相関」を駆使して、異なる生命現象を支える分子機構を構築してきていることを強く示唆している。

・植物ホルモンジベレリン受容システムの植物進化過程での変遷の解明【松岡班】

被子植物では、ジベレリン受容システムの下流に共通の転写因子(GAMYB)が存在しており、生殖過程では花粉形成に働く。コケ植物の孢子形成過程ではジベレリン受容システムは存在しないが、下流の転写因子GAMYBの系は保存されていた。一方、シダ植物では、ジベレリン受容システム、下流の転写因子系の両方が被子植物の系と一致していた(Nature Commun., 2011)。

・MutMap法の確立と改良 ～「ゲノム・遺伝子相関」の解析システム基盤を構築～【寺内班】

寺内班では、次世代シーケンサーの解析システム基盤の整備に尽力した。様々なタイプの原因遺伝子の同定に活用できるMutMap法を確立し研究展開するとともに、班員にワークショップを通じて情報共有、技術提供した。MutMap法の改良にも尽力するとともに、イネの育種を加速することにも活用した(Nature Biotech., 2012, 2015)。

・哺乳類の中で進化した新たな性決定遺伝子領域の同定【黒岩班】

多くの脊椎動物で雄の性決定を行うSRY遺伝子をもたないアマミトゲネズミのゲノム配列を決定し、de novo アセンブリ解析を行った。雌雄間ゲノムの比較により、哺乳類の中で進化した新しい性決定領域の候補を選定した。本研究は、科学テレビ番組「ガリレオX」(BSフジ)にて性決定のミステリーという形で紹介された(2015年放送)。

・ショウジョウバエの卵巣幹細胞の増殖をオン - オフするスイッチ機構を解明【山元班】

チロシンキナーゼBtk29Aが、卵巣の二次生殖幹細胞のニッチを構成する体細胞でβ-カテニンのチロシンリン酸化を介してpiwiの転写を促進し、幹細胞の増殖を抑制するという仕組みが明らかとなった(Science, 2014)。幹細胞に"外"から働きかけて増殖を止めさせる仕組みの実像に迫る大きな一歩として評価され、多数のメディア(朝日新聞、毎日新聞、河北新報、日経プレスリリース、QLifePro, Yahoo News)で取り上げられた。

・エピゲノム情報が、遺伝と進化の重要な単位であることを実証【小林班】

ピロリ菌5株について、ゲノム全域でメチル化塩基を一塩基の分解能で検出した。その結果、メチル化の配列特異性を担う遺伝子が、遺伝子内ドメイン配列移動(DoMo)という再編機構によって、メチル化配列を切り替えていること、さらに、メチル化配列特異性遺伝子の有無が遺伝子発現に影響する

ことを明らかにした(**PLoS Genet.**, 2014)。また、メチル化標的の塩基を切り出す新しい型の制限酵素を発見した(**Nature Commun.**, 2014)。

・レトロトランスポゾン由来 DNA の多様な役割を解明【小野班】

ジャンク DNA と考えられていたレトロトランスポゾン由来遺伝子が、胎盤形成に重要な役割を果たすことが、班員らの研究により明らかとなっていたが、更にレトロトランスポゾン由来遺伝子の一つである *Sirh11/Zcchc16* が、脳での認知機能にも関わっていることが、初めて明らかになった (**PLoS Genet.**, 2015)。また、レトロトランスポゾン由来配列は、DNA 二本鎖切断の修復に使われていることも明らかとなり、哺乳類の進化過程で重要な役割を果たしてきた様子が明らかとなった(**Sci. Rep.**, 2015)。本研究は、NHK スペシャル「生命大躍進」第2集「こうして”母の愛”が産まれた」として特集が組まれた(2015年放送)。

・国際共同研究チームに参加しシーラカンスゲノムを解読【隅山班】

アフリカシーラカンス (*Latimeria chalumnae*) のゲノム塩基配列を解読し、分子系統解析からシーラカンスよりハイギョの方が四足類に近いことを示した。国際研究チームの中で隅山班は *HoxA* 遺伝子群エンハンサーの機能解析を行い、鰭から肢への変化や、胚体外組織(胎盤)の出現に関するエンハンサーの進化が、四足類への進化に重要な役割を果たしたことを明らかにした(**Nature**, 2013)。

・マウス亜種間の生殖的隔離の原因となるメカニズムを解明【岡班】

共通祖先から 50~100 万年前に分かれた 2 種類のマウス亜種をもちいて、亜種間交配における生殖能力低下の原因が、X 染色体上の生殖関連遺伝子の発現異常によることを突き止めた。また、この発現異常では、亜種間で転写調節因子などのトランス因子とシス調節領域の間に起きた遺伝的不適合であることを明らかにし、「ゲノム・遺伝子相関」の共通機構の抽出に寄与した(**PLoS Genet.**, 2014)。

・植物の特徴である「世相の交代」過程を解明【玉田班】

コケ植物用い、 n 世代と $2n$ 世代への転換点、卵細胞、受精卵でおこるエピジェネティックリプログラミングをライブイメージング解析により明らかにした。また鍵となる *KNOX2* 転写因子を同定した (**Science**, 2013)。エピゲノム情報、遺伝子発現、ライブイメージングを融合させた挑戦的アプローチを展開(金岡班との共同研究)。顕微鏡技術に関して、天体観測で行われている、光学系の揺らぎを解消するシステム(補償光学)を導入し、細胞内小器官ごとの屈折率の違いから細胞像が乱れる現象を解消し、顕微鏡の解像度を格段に向上させた。これらの研究により、核相と遺伝子発現・発生プログラムの相関という「ゲノム・遺伝子相関」の共通原理の抽出に貢献した。

・多精受精による胚発生過程を人為的に再現【岡本班】

被子植物では哺乳動物と異なり倍数性進化がしばしばみられるが、この分子メカニズムの多くは不明である。岡本班では、イネの *in vitro* 受精系を用いて、単離した卵と精細胞の比率を変えて受精させる多精受精のシステムを構築した。その結果、多精受精した卵細胞は、正常な胚発生を介して植物体を形成できることが明らかとなった。この結果から、減数分裂異常により減数分裂を回避した倍数性の配偶子間の受精以外にも、多精受精の仕組みが植物倍数性進化に寄与していることが浮かび上がってきた (**Plant Physiol.**, 2016)。

・花成ホルモンフロリゲンの多機能性の分子基盤を解明、トランスポゾンを抑制する新機能を有することを発見【辻班】

フロリゲン(正体は FT タンパク質)は「フロリゲン複合体」を形成して花芽分化を協力的に誘導するが、複合体の転写因子サブユニット部分を交換することで、分子(枝分かれ)の促進等の多機能性を発揮することを発見した(**Plant J.**, 2015)。このことは、「フロリゲン複合体」の転写因子サブユニットのモジュールを入れ替えることにより、様々な下流の標的遺伝子を制御しうることを意味しており、「ゲノム・遺伝子相関」、新機能獲得のモデルとなった。また、フロリゲンが花芽分化の開始時にトランスポゾンのサイレンシングを誘導することを発見した(**Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 2015)。本研究により明らかになった「フロリゲン複合体」の機能は、**高校生物の教科書(新課程版)**に取り上げられている。

6. 研究成果の取りまとめ及び公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開発表等）（5ページ以内）

本研究課題（公募研究を含む）により得られた研究成果の公表の状況（主な論文、書籍、ホームページ、主催シンポジウム等の状況）について具体的に記述してください。記述に当たっては、本研究課題により得られたものに厳に限ることとします。

- 論文の場合、新しいものから順に発表年次をさかのぼり、研究項目ごとに計画研究・公募研究の順に記載し、研究代表者には二重下線、研究分担者には一重下線、連携研究者には点線の下線を付し、corresponding author には左に*印を付してください。
- 別添の「(2) 発表論文」の融合研究論文として整理した論文については、冒頭に◎を付してください。
- 補助条件に定められたとおり、本研究課題に係り交付を受けて行った研究の成果であることを表示したもの（論文等の場合は謝辞に課題番号を含め記載したもの）について記載したもののについては、冒頭に▲を付してください（前項と重複する場合は、「◎▲・・・」と記載してください）。
- 一般向けのアウトリーチ活動を行った場合はその内容についても記述してください。

雑誌ごとに集計した論文発表状況

雑誌名	IF 2014	論文数	雑誌名	IF 2014	論文数
Nature Biotech.	41.514	2	PLoS Biol.	9.343	3
Nature	41.456	2	Plant Cell	9.338	7
Science	33.611	2	eLIFE	9.322	1
Cell	32.242	3	Nucleic Acids Research	9.112	7
Nature Rev. Neurosci.	31.427	1	Mol. Biol. Evol.	9.105	13
Nature Genet.	29.352	3	EMBO Rep.	9.055	2
Cell Stem Cell	22.268	1	Cell Reports	8.358	2
Nature Immunol.	20.004	2	PLoS Path.	8.057	3
Neuron	15.054	1	Curr. Opin. Plant Biol.	7.848	4
Genome Research	14.63	2	New Phytologists	7.672	7
Trends Plant Sci.	12.929	1	PLoS Genet.	7.528	9
J. Exp. Medicine	12.515	1	Front. Ecol. Evol.	7.441	1
Cell Host & Microbe	12.328	3	Philos. Trans R. Soc. Lond. B Biol. Sci.	7.055	2
Autophagy	11.753	1	Plant Physiol.	6.841	5
Nature Commun.	11.47	7	Adv. Genet.	6.76	2
Angew. Chem. Int. Ed.	11.261	1	Mol. Ecol.	6.494	7
Genome Biol.	10.81	1	Development	6.462	5
Genes and Development	10.798	2	Mol. Plant	6.337	1
Ecology Letters	10.689	1	Plant J.	5.972	14
Annual. Rev. Ecol. Evol.	10.562	1	Genetics	5.963	3
EMBO J.	10.434	3	Scientific Reports	5.578	4
Trends Genet.	9.918	1	J. Exp. Bot.	5.526	6
Dev. Cell	9.708	3	DNA Res.	5.477	6
Proc. Natl. Acad. Sci. USA	9.674	10	ACS Chemical Biology	5.331	1
Curr. Biol.	9.571	3	Nature Plants	2015創刊	4

総論文数 合計 454 報（8 計画研究班、29 公募研究班の成果を集計）

主な研究成果を、論文、書籍、特許、主催シンポジウム、受賞歴、アウトリーチ活動の順に研究班毎に記す。

[計画研究]

<高山誠司>

- ▲ Fujii S, Kubo K-i, Takayama S. Non-self and self-recognition models in plant self-incompatibility. **Nature Plants** 2: in press (2016).
- ▲ Iwano M[#], Ito K[#], Fujii S[#], (#Co-first Author) Kakita M, Asano-Shimosato H, Igarashi M, Kaothien-Nakayama P, Entani T, Kanatani A, Takehisa M, Tanaka M, Komatsu K, Shiba H, Nagai T, Miyawaki A, Isogai A, *Takayama S. Calcium signalling mediates self-incompatibility response in the Brassicaceae. **Nature Plants** 1: 15128 (2015a).
- ▲ Kubo K, Paape T, Hatakeyama M, Entani T, Takara A, Kajihara K, Tsukahara M, Shimizu-Inatsugi R, Shimizu KK, *Takayama S. Gene duplication and genetic exchange drive the evolution of S-RNase-based self-incompatibility in *Petunia*. **Nature Plants** 1: 14005 (2015b).
- ▲ Iwano M, Igarashi M, Tarutani Y, Kaothien-Nakayama P, Nakayama H, Moriyama H, Yakabe R, Entani T, Shimosato-Asano H, Ueki M, Tamiya G, *Takayama S. A pollen coat-inducible autoinhibited Ca²⁺-ATPase expressed

in stigmatic papilla cells is required for compatible pollination in the Brassicaceae. **Plant Cell** 26: 636-649 (2014).

▲Iwano, M., and *Takayama, S. Self/non-self discrimination in angiosperm self-incompatibility. **Curr. Opin. Plant Biol.** 15(1):78-83. (2012).

平成 25 年度日本農学賞・第 50 回読売農学賞 (高山誠司) 他、論文 17 件、著書・出版物 11 件、新聞記事掲載 5 件、国内シンポジウム主催 2 件、アウトリーチ活動 10 件(高校生・大学生インターンシップ、市民講座、市民実験講座など)

<木下哲、河邊昭>

▲Buzas DM, Nakamura M, and *Kinoshita T. Epigenetic role for the conserved Fe-S cluster biogenesis protein AtDRE2 in *Arabidopsis thaliana*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 111:13655-13670 (2014).

▲Sekine D, Ohnishi T, Furuumi H, Ono A, Yamada T, Kurata N, *Kinoshita T. Dissection of two major components of the post-zygotic hybridization barrier in rice endosperm. **Plant J.** 76: 792-799 (2013).

◎▲Ikeda Y., Kinoshita Y., Susaki D., Ikeda Y., Iwano M., Takayama S., Higashiyama T., Kakutani T., *Kinoshita T. HMG domain containing *SSRP1* is required for DNA demethylation and genomic imprinting in *Arabidopsis*. **Dev. Cell** 21: 589-596 (2011).

第 21 回木原記念財団学術賞(木下哲), 日本植物生理学会 PCP 論文賞, 日本遺伝学会第 84 回大会(Best Paper 賞), 日本遺伝学会第 84 回大会(Best Paper 審査委員特別賞), The Vth International Symposium on Metallomics (Best paper award, Akira Kawabe), 日本遺伝学会奨励賞受賞 (河邊昭) 他、論文 18 件、著書・出版物 6 件、新聞記事掲載 4 件、テレビ放送 1 件、国内シンポジウム主催 2 件、アウトリーチ活動 3 件(一般公開シンポジウム)

<松田洋一>

▲Uno Y, Nishida C, Takagi C, Ueno N, Matsuda Y. Homoeologous chromosomes of *Xenopus laevis* are highly conserved after whole genome duplication. **Heredity** 111: 430-436 (2013).

▲Ishishita S, Tsuboi K, Ohishi N, Tsuchiya K, Matsuda Y. Abnormal pairing of X and Y sex chromosomes during meiosis I in interspecific hybrids of *Phodopus campbelli* and *P. sungorus*. **Sci. Rep.** 5: 9435 (2015).

▲Ishishita S, Kinoshita K, Nakano M, Matsuda Y. Embryonic development and inviability phenotype of chicken-Japanese quail F₁ hybrids. **Sci. Rep.** 6: 26369 (2016).

他、論文 43 件、著書 1 件、国内シンポジウム主催 1 件、アウトリーチ活動 2 件(高校生実験講座など)

<松岡信、中嶋正敏>

▲Tanaka J, Yano K, Aya K., Hirano K, Takehara S, Koketsu E, Ordonio RL, Park SH, Nakajima M. Ueguchi-Tanaka M, *Matsuoka M. Antheridiogen determines sex in ferns via a spatiotemporally split gibberellin synthesis pathway. **Science** 346: 469-473 (2014).

▲Yoshida H, Hirano K, Sato T, Mitsuda N, Nomoto M, Maeo K, Koketsu E, Mitani R, Kawamura M, Ishiguro S, Tada Y, Ohme-Takagi M, *Matsuoka M. Ueguchi-Tanaka M. DELLA protein functions as a transcriptional activator through the DNA binding of the indeterminate domain family proteins. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 111: 7861-7866 (2014).

▲Aya K, Hiwatashi Y, Kojima M, Sakakibara H, Ueguchi-Tanaka M, Hasebe M, *Matsuoka M. The Gibberellin perception system evolved to regulate a pre-existing GAMYB-mediated system during land plant evolution. **Nature Commun.** 2: 544 (2011).

他、論文 17 件、新聞記事掲載 3 件、アウトリーチ活動 1 件(高校生実験講座)

<鈴木剛、諏訪部圭太、渡辺正夫>

◎▲Osaka M, Matsuda T, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Maeda S, Sewaki M, Sone M, Takahashi H, Nakazono M, Iwano M, Takayama S. Shimizu KK. Yano K. Lim Y-P, Suzuki G. Suwabe K. *Watanabe M. Cell type-specific transcriptome of Brassicaceae stigmatic papilla cells from a combination of laser microdissection and RNA sequencing. **Plant Cell Physiol.** 54: 1894-1904 (2013).

◎▲Matsuda T, Matsushima M, Nabemoto M, Osaka M, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Takahashi H, Nakazono M, Iwano M, Takayama S. Shimizu KK. Okumura K, Suzuki G. Watanabe M. *Suwabe K. Transcriptional characteristics and differences in *Arabidopsis* stigmatic papilla cells pre- and post-pollination. **Plant Cell Physiol.** 56: 663-673 (2015).

◎▲Ohyanagi H, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K, Matsumura H, Sasaki Y, Aya K, Suwabe K. Suzuki G. Watanabe M. Matsuoka M. Yokoyama K. *Yano K. Plant omics data center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. **Plant Cell Physiol.** 56: e9 (2015).

第 10 回若手農林水産研究者表彰, 日本育種学会(奨励賞, 第 122 回講演会優秀発表賞), 平成 25 年度科学技術分野の文部科学大臣表彰(科学技術賞・理解増進部門(渡辺正夫)), 野依科学奨励賞, 第 20 回日本育種学会中部地区談話会(優秀発表賞) 他、論文 24 件、著書・出版物 13 件、新聞記事掲載 33 件、ラジオ放送 1 件、国内シンポジウム主催 1 件、アウトリーチ活動 390 件(小中高出前授業, SSH 運営指導委員, 「国際植物の日」国内コーディネーター)

<北野潤、牧野能士>

▲Pennell MW, Kirkpatrick M, Otto SP, Vamasi J, Peichel CL, Valenzuela N, *Kitano J. Y fuse? Sex chromosome fusions in fishes and reptiles. **PLoS Genetics** 11: e1005237 (2015).

▲Yoshida K, Makino T, Yamaguchi K, Shigenobu S, Hasebe M, Kawata M, Kume M, Mori S, Peichel CL, Toyoda A, Fujiyama A, *Kitano J. Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. **PLoS Genetics** 10: e1004223 (2014).

*Makino T. McLysaght A, Kawata M. Genome-wide deserts for copy number variation in vertebrates. **Nature Commun.** 4: 2283 (2013).

日本遺伝学会第 85 回大会 Best Paper 賞, 文部科学大臣若手科学者賞 (北野潤), 日本進化学会 (若手口頭発表の最優秀賞, 優秀ポスター発表賞, 研究奨励賞 (牧野能士)), 日本生態学会 鈴木賞, 遺伝学普及会 研究助

成(海外渡航費)受賞, 日本生態学会 鈴木賞 他、論文 25 件, 著書・出版物 5 件, 新聞記事掲載 3 件, 国際シンポジウム主催 1 件, 国内シンポジウム主催 5 件, アウトリーチ活動 5 件(高校生研究室見学, 遺伝研一般公開, 公開講演会)

<高橋文、長田直樹>

◎▲Yoshida K, Miyagi R, Mori S, Takahashi A, Makino T, Toyoda A, Fujiyama A, *Kitano J. Whole genome sequencing reveals small genomic regions of introgression in an introduced crater lake population of threespine stickleback. **Ecol. Evol.** 6: 2190-2204 (2016).

▲Miyagi R, Akiyama N, Osada N, *Takahashi A. Complex patterns of *cis*-regulatory polymorphisms in *ebony* underlie standing pigmentation variation in *Drosophila melanogaster*. **Mol. Ecol.** 24: 5829-5841 (2015).

▲*Takahashi A, Takano-Shimizu T. Divergent enhancer haplotype of *ebony* on inversion *In(3R)Payne* associated with pigmentation variation in a tropical population of *Drosophila melanogaster*. **Mol. Ecol.** 20: 4277-87 (2011).

日本遺伝学会奨励賞(高橋文), 日本遺伝学会奨励賞(長田直樹), 日本進化学会第 16 回大会(学生ポスター発表賞) 他、論文 27 件, 著書・出版物 10 件, 国内シンポジウム主催 1 件

<寺内良平、吉田健太郎、齋藤宏昌>

▲Takagi H, Tamiru A, Abe A, Yoshida K, Uemura A, Yaegashi H, Obara T, Oikawa K, Utsushi H, Kanzaki E, Mitsuoka C, Natsume S, Kosugi S, Kanzaki H, Matsumura H, Urasaki N, Kamoun S, *Terauchi R. Genomics accelerates breeding of a salt tolerant rice adapted to contaminated paddy fields. **Nature Biotechnol.** 33: 445-449. (2015).

▲Giraldo MC, Dagdas YF, Gupta YK, Mentlak TA, Yi M, Matinez-Rocha AL, Saitoh H, Terauchi R, Talbot NJ, *Valent B. Two distinct secretion systems facilitate tissue invasion by the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. **Nature Commun.** 4: 1996 (2013).

▲Abe A, Kosugi S, Yoshida K, Natsume S, Takagi H, Kanzaki H, Matsumura H, Yoshida K, Mitsuoka C, Tamiru M, Innan H, Cano L, Kamoun S, *Terauchi R. Genome sequencing reveals agronomically-important loci in rice using MutMap. **Nature Biotechnol.** 30: 174-178. (2012).

第 121 回日本育種学会優秀発表賞, 2 件, 第 122 回日本育種学会優秀発表賞 他、論文 20 件, 総説 2 件

[公募研究]

<GOTO Derek、川口正代司、寿崎拓哉>

*Bartlem DG, Jones MG, Hammes UZ. Vascularization and nutrient delivery at root-knot nematode feeding sites in host roots. **J. Exp. Bot.** 65: 1789-1798 (2014).

日本農芸化学会北海道支部 支部奨励賞(GOTO Derek)

他、論文 1 件, 新聞記事掲載 2 件, 国際シンポジウム主催 1 件, アウトリーチ活動 7 件(研究室見学, 公開講演会, English Camp 等)

<山元大輔>

▲Ito H, Sato K, Koganezawa M, Ote M, Matsumoto K, Hama C, *Yamamoto D. Fruitless cooperates with two antagonistic chromatin factors to establish single-neuron sexual dimorphism. **Cell** 149: 1327-1338 (2012).

他、論文 21 件, 著書・出版物 8 件, 新聞記事掲載 9 件, 研究成果が高等学校生物指導資料に掲載, アウトリーチ活動多数 (高校生対象出前講座、学生・社会人対象サイエンスカフェ, 公開講座)

<藤原徹>

アウトリーチ活動 3 件 (高校生対象出前授業)

<小林一三、内山郁夫、佐々木顕、古田芳一、矢野大和>

▲Miyazono K-i, Furuta Y, Watanabe-Matsui M, Miyakawa T, Ito T, Kobayashi I, *Tanokura M. A sequence-specific DNA glycosylase mediates restriction-modification in *Pyrococcus abyssi*. **Nature Commun.** 5: 3178 (2014).

日本農芸化学会大会トピックス賞 他、論文 25 件, 著書・出版物 12 件, 新聞記事掲載 1 件, 国内シンポジウム主催 4 件, アウトリーチ活動 14 件 (公開セミナー・講演など)

<小野竜一、石野史敏>

▲Ono R, Ishii M, Fujihara Y, Kitazawa M, Usami T, Kaneko-Ishino T, Kanno J, Ikawa M, *Ishino F. Double strand break repair by capture of retrotransposon sequences and reverse-transcribed spliced mRNA sequences in mouse zygotes. **Sci. Rep.** 5: 12281 (2015).

他、論文 9 件, テレビ放送 1 件, アウトリーチ活動 6 件(市民講座, 高大連携プログラム, オープンキャンパス)

<田中幹子>

Masuda S, Nakatani Y, Ren S, *Tanaka M. Blue light-mediated manipulation of transcription factor activity *in vivo*. **ACS Chem. Biol.** 8: 2649-2653 (2013).

他、論文 4 件, 総説 1 件, 著書・出版物 3 件, 新聞記事掲載 1 件, 特許出願 1 件, 国内シンポジウム主催 2 件, アウトリーチ活動 4 件(高校生対象出前授業, オープンキャンパス)

<藤本龍>

Fujimoto R, Taylor JM, Shirasawa S, *Peacock WJ, Dennis ES. Heterosis of *Arabidopsis* hybrids between C24 and Col is associated with increased photosynthesis capacity. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 109: 7109-7114 (2012).

他、論文 6 件, 総説 2 件, 著書・出版物 3 件, 日本育種学会優秀発表賞, アウトリーチ活動 1 件(高校生対象実験)

<金岡雅浩>

◎Okuda S, Suzuki T, Kanaoka MM, Mori H, Sasaki N, *Higashiyama T. Acquisition of LURE-binding activity at the pollen tube tip of *Torenia fournieri*. **Mol. Plant** 6: 1074-1090 (2016).

他、論文 41 件, 著書・出版物 10 件, 新聞記事掲載 10 件, アウトリーチ活動 3 件(SSH 高校生研究室受け入れなど)

<郷康広、豊田敦>

▲Hayakawa T, Suzuki-Hashido N, Matsui A, *Go Y. Frequent expansions of the bitter taste receptor gene repertoire during evolution of mammals in the Euarchontoglires clade. **Mol. Biol. Evol.** 31: 2018-2031 (2014).

第 28 回日本霊長類学会大会(優秀口頭発表賞), 日本進化学会第 14 回東京大会(ポスター賞優秀賞)

他、論文 2 件, 著書・出版物 5 件, 新聞記事掲載 11 件, アウトリーチ活動 2 件 (公開シンポジウム)

<佐伯和彦>

▲Okazaki S, Kaneko T, Sato S *Saeki K. Hijacking of leguminous nodulation signaling by the rhizobial type III secretion system. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 110:17131-17136 (2013).

他、論文2件, 新聞記事掲載1件, アウトリーチ活動4件 (高校生・市民対象出前講義)

<打田直行、田坂昌生、森田(寺田)美代>

Uchida N, Lee JS, Horst RJ, Lai HH, Kajita R, Kakimoto T, Tasaka M, *Torii KU. Regulation of inflorescence architecture by intertissue layer ligand-receptor communication between endodermis and phloem. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 109: 6337-6342 (2012).

他、論文 8 件, 総説 4 件, 著書・出版物 3 件, 新聞記事掲載 8 件, テレビ・ラジオ放送 3 件, アウトリーチ活動 1 件 (記念講演会)

<植田美那子、梅田正明>

◎Maruyama D, Völz R, Takeuchi H, Mori T, Igawa T, Kurihara D, Kawashima T, Ueda M, Itoh M, Umeda M, Nishikawa S, Groß-Hardt R, *Higashiyama T. Rapid elimination of the persistent synergid through a cell-fusion for polytubey block. **Cell** 161: 907-918 (2015).

他、論文 11 件, 総説 1 件, 著書・出版物 2 件, 新聞記事掲載 9 件, テレビ放送 2 件, 国内シンポジウム主催 1 件, アウトリーチ活動 4 件 (公開講座、テクニカルワークショップ、高校生出前講義)

<河野洋治>

◎▲Cesari S, Kanzaki H, Fujiwara T, Bernoux M, Chalvon V, Kawano Y, Shimamoto K, Dodds P, Terauchi R, *Kroj T. The NB-LRR proteins RGA4 and RGA5 interact functionally and physically to confer disease resistance. **EMBO J.** 33: 1941-1959 (2014).

他、論文 15 件, 著書・出版物 1 件, 新聞記事掲載 3 件, 国際シンポジウム主催 1 件(Local Organizing Committee), アウトリーチ活動 1 件 (高校生出前講義)

<岡崎拓、岡崎一美>

Okazaki T, Chikuma S, Iwai Y, Fagarasan S, *Honjo T. A rheostat for immune responses: the unique properties of PD-1 and their advantages for clinical application. **Nature Immunol.** 14: 1212-1218 (2013).

他、論文 7 件, 著書・出版物 2 件, 国内シンポジウム主催 2 件, アウトリーチ活動 2 件(公開シンポジウム)

<村井耕二>

▲Yamamoto M, Shitsukawa N, Yamada M, Kato K, Takumi S, Kawaura K, Ogihara Y, *Murai K. Identification of a novel homolog for a calmodulin-binding protein that is upregulated in alloplasmic wheat showing pistillody. **Planta** 237: 1001-1013 (2013).

他、論文 4 件, 国内シンポジウム主催 1 件, アウトリーチ活動 2 件(大学公開講座など)

<矢野健太郎>

The Tomato Genome Consortium, Yano K. (321 名中 206 番目 ; 所属機関のアルファベット順) The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. **Nature** 485: 635-641 (2012).

他、論文 16 件, 総説 1 件, 著書・出版物 8 件, 国内シンポジウム主催 3 件, アウトリーチ活動 21 件(公開セミナー・ワークショップ、高校生対象出前講義など)

<川崎努>

▲Yamaguchi K, Yamada K, Ishikawa K, Yoshimura S, Hayashi N, Uchihashi K, Ishihama N, Kishi-Kaboshi M, Takahashi A, Tsuge S, Ochiai H, Yada Y, Shimamoto K, Yoshioka H, *Kawasaki T. A receptor-cytoplasmic kinase targeted by a plant pathogen effector is directly phosphorylated by the chitin receptor and mediates rice immunity. **Cell Host Microbe** 13: 347-357 (2013).

他、論文 7 件, 総説 3 件, 著書・出版物 1 件, 新聞記事掲載 4 件, 国内シンポジウム主催 1 件

<隅山健太>

Amemiya CT, Sumiyama K. (73 名中 91 番目) *et al.* The African coelacanth genome provides insights into tetrapod evolution. **Nature** 496: 311-316 (2013).

第 17 回(2012 年度)日本細胞生物学会論文賞 CSF Award 他、論文 9 件, 著書・出版物 4 件, 新聞記事掲載 4 件, 国内シンポジウム主催 1 件, アウトリーチ活動 2 件(市民一般公開)

<玉田洋介、木村宏、重信秀治、榎原恵子、長谷部光泰>

▲Sakakibara K, Ando S, Yip HK, Tamada Y, Hiwatashi Y, Murata T, Deguchi H, Hasebe M, *Bowman JL. *KNOX2* genes regulate the haploid to diploid morphological transition in land plants. **Science** 339: 1067-1070 (2013).

日本進化学会奨励賞受賞, 植物学会奨励賞, 広島大学学長賞(榎原恵子) 他、論文 7 件, 著書・出版物 7 件, 新聞記事掲載 8 件, 特許出願 2 件, アウトリーチ活動 12 件(一般公開、出張授業、研究・施設紹介など), 国内シンポジウム主催 4 件

<沼田興治>

Ikeda R, Shiura H, Numata K, Sugimoto M, Kondo M, Mise N, Suzuki M, Greally JM, *Abe K. Large male germ cell-specific hypomethylated DNA domains with unique genomic and epigenomic features on the mouse X

chromosome. **DNA Res.** 20: 549-565 (2013).

<金鐘明>

Jung JH, Park JH, Lee S, To TK, Kim JM, Seki M, *Park CM. “The cold signaling attenuator HIGH EXPRESSION OF OSMOTICALLY RESPONSIVE GENE1 activates *FLOWERING LOCUS C* transcription via chromatin remodeling under short-term cold stress in *Arabidopsis*. **Plant Cell** 25: 4378-4390 (2013).

日本遺伝学会第 87 回大会 Best Paper 賞 他、論文 8 件、著書・出版物 2 件、特許出願 1 件、アウトリーチ活動 1 件(一般公開講座)

<岡彩子>

▲*Oka A, Takada T, Fujisawa H, Shiroishi T. Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in mouse reproductive isolation. **PLoS Genetics** 10: e1004301 (2014).

他、論文 2 件、著書・出版物 2 件、アウトリーチ活動 1 件(一般公開)

<黒岩麻里>

Kimura R, Murata C, Kuroki Y, *Kuroiwa A. Mutations in the testis-specific enhancer of *SOX9* in the *SRY* independent sex-determining mechanism in the genus *Tokudaia*. **PLoS One** 9: e108779 (2014).

日本動物学会北海道支部会第 59 回大会 最優秀発表者賞 他、論文 2 件、著書・出版物 1 件、テレビ放送 1 件、アウトリーチ活動 6 件(市民公開講演、出前授業など)

<伊藤純一>

Yoshikawa T, Ito M, Sumikura T, Nakayama A, Nishimura T, Kitano H, Yamaguchi I, Koshiba T, Hibara K, Nagato Y, and *Itoh J. The rice FISH BONE gene encodes a tryptophan aminotransferase, which affects pleiotropic auxin-related processes. **Plant J.** 78: 927-936 (2014).

他、論文 3 件、アウトリーチ活動 2 件(一般公開講座など)

<新美輝幸>

Kuwayama H, Gotoh H, Konishi Y, Nishikawa H, Yaginuma T *Niimi T. Establishment of transgenic lines for jumpstarter method using a composite transposon vector in the ladybird beetle, *Harmonia axyridis*. **PLoS One** 9: e100804 (2014).

日本節足動物発生学会賞 他、論文 2 件、テレビ放送 1 件、アウトリーチ活動 1 件(出前授業)

<佐藤豊>

Suzuki M, Sato Y, Wu S, Kang B-H, *McCarthy DR. Conserved functions of the MATE transporter BIG EMBRYO 1 in regulation of lateral organ size and initiation rate. **Plant Cell** 27: 2288-2300 (2015).

第 11 回日本学術振興会賞

他、論文 1 件、著書・出版物 1 件、アウトリーチ活動 3 件(高校生シンポジウム・セミナーなど)

<辻寛之>

▲Tamaki S, *Tsuji H, Matsumoto A, Fujita A, Shimatani Z, Terada R, Sakamoto T, Kurata T, Shimamoto K. FT-like proteins induce transposon silencing in the shoot apex during floral induction in rice. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 112: E901-911 (2015).

平成 26 年度 日本育種学会奨励賞, 日本育種学会第 125 回講演会 優秀発表賞 他、論文 1 件、著書・出版物 2 件、アウトリーチ活動 1 件(一般公開)

<佐渡敬>

Pasque V, Tchieu J, Karnik R, Uyeda M, Sadhu Dimashkie A, Case D, Papp B, Bonora G, Patel S, Ho R, Schmidt R, McKee R, Sado T, Tada T, Meissner A, *Plath K. X chromosome reactivation dynamics reveal stages of reprogramming to pluripotency. **Cell** 159: 1681-1697 (2014).

他、論文 3 件、著書・出版物 1 件

<岡本龍史>

▲Toda E, Ohnishi Y, *Okamoto T. Development of polyspermic rice zygotes. **Plant Physiol.** 171: 206-214 (2016).

他、論文 8 件、著書・出版物 2 件、特許出願 1 件、アウトリーチ活動 3 件(高校教員講座など)

解析により数多くの成果（方法論の論文として：矢野, 松岡, 鈴木 *Plant Cell Physiol.*, 2015; 矢野, 松岡, 鈴木, 高山 *Genes Genet. Syst.*, 2016）を発信した。さらには、本プロジェクトの集大成となる論文はトップジャーナルに掲載された（松岡 *Science*, 2014）。

- 木下班、高山班の共同研究では、植物の胚への栄養供給組織として働く胚乳において、オス・メスゲノムの軋轢を生み出すゲノムインプリンティングに関して共同研究を展開した。高山班では、シロイヌナズナを用い主にオス側のメチローム解析を行い、木下班ではメス側のインプリンティング制御に関わる DNA 脱メチル化に関して主要なファクターを同定していった（木下, 高山 *Dev. Cell*, 2011）。アブラナ科植物 *Arabidopsis lyrata* における自家不和合性の花粉因子対立遺伝子間の優劣性制御機構について共同研究を行い、低分子 RNA を介したエピジェネティックな制御が *Brassica rapa* 以外のアブラナ科植物でも普遍的に機能していることを明らかにした（高山, 河邊, 投稿準備中）。
- 木下班と小野班の共同研究では、植物で新規に同定した DNA 脱メチル化に必須の因子（木下 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2014）の哺乳動物のホモログに関して、動植物の一般性を解析している。
- 鈴木班、高山班の共同研究では、自家不和合性の花粉因子対立遺伝子間の優劣性制御機構について解析し、複雑なすべての優劣性関係が 24 塩基の低分子 RNA により制御されていることを示し、ゲノム上での逆位反復配列の発生とその標的配列上に起きる点変異により、容易に複雑な優劣性関係が生じうることを明らかにした（高山, 鈴木, 投稿中）。アブラナ科植物の自家不和合性の安定性に影響を与える遺伝子座の QTL 解析を共同で実施し、主要な 3 つの遺伝子座の同定に成功した（高山, 諏訪部 *J. Exp. Bot.*, 2014）。「ゲノム・遺伝子相関」の鍵となる新規生殖隔離遺伝子の機能解析において共同研究を展開した。生化学的精製を高山班が担当し、そのペプチドを用いた生化学実験について高山班から技術指導を受け、鈴木班においてバイオアッセイを行った。また、アブラナ科植物の自家不和合性や受粉過程の解析において情報共有と共同実験を遂行し、その過程でシロイヌナズナの和合性に関わる花粉側因子の分子進化について新しい発見が得られている（鈴木, 高山, 投稿準備中）。

8. 研究経費の使用状況（設備の有効活用、研究費の効果的使用を含む。）（1ページ以内）

領域研究を行う上で設備等（研究領域内で共有する設備・装置の購入・開発・運用・実験資料・資材の提供など）の活用状況や研究費の効果的使用について記述してください（総括班における設備共用等への取組の状況を含む。）。

本領域を含め平成23年発足の新学術領域は東日本大震災の年に当たり、復興予算確保のために約3割の予算減額が必要であった。また、東北大学の班員、岩手生物工学センターの直接被害も無視出来ない状況であった。そのような状況下、領域として共通機器を整備することや、各班に必要な備品の購入が困難であり、大学、研究所の老朽化した機器や、機器使用時間の確保が難しい共通機器での対応をお願いした。購入した備品は、領域の研究進捗に真に必要なものであり、また周辺に共通機器がないものである（次ページ備品リスト）。

多くの主要な高額機器類は、以下のように領域発足の平成23年に購入しており、研究の進捗や機器の老朽化を鑑み中途年度にさらなる備品が購入されている（290万円以上の備品に関して以下に詳細を記述した）。

- ・レーザレスマルチカラー共焦点システム（高山班平成23年度購入、9,645,825円、奈良先端大設置）；LED光源により比較的安価な共焦点顕微鏡システムを構成するための装置で、自家不和合性のシグナル伝達の解析を主な目的で購入し、順調な成果を挙げるとともに、奈良先端大の木下班や公募班を中心に、共同研究論文作成に活用された。

- ・DNA切断装置(寺内班平成23年度購入、Covaris社製、7,308,000円、岩手生物工学研究センター設置)；次世代シーケンサーのライブラリ作成時に書かせないDNA切断装置。ゲノムDNAを任意のサイズに切断する。次世代シーケンサーをフル活用してMutMap法などのデータ解析法を確立する同班には必要不可欠の機器であった。

- ・ABIプリズム3100-Avant to 31(松岡班平成23年度購入、Life technology社製、4,095,000円、名古屋大学設置) サンガー法シーケンサーの廉価版。老朽化した機器を更新したため。当該研究推進のためにフル活用された。

- ・核酸定量装置バイオアナライザー（松岡班平成23年度購入、Agilent社製、2,957,850円、名古屋大学設置）、RNA等の核酸濃度定量、純度検定に必須の機器、マイクロアレイ解析、次世代シーケンサー解析に供するサンプルの見積もりにフル活用された。

- ・CFX96リアルタイムPCR解析システム（松岡班平成23年度購入、Bio-Rad社製、4,723,950円、名古屋大学設置）マルチチャンネル多検体の定量的PCR解析使用。当該領域の研究推進にフル活用された。

- ・核酸定量装置バイオアナライザー（高橋班平成23年度購入、Agilent社製、2,990,925円、国立遺伝学研究所に設置、平成24年度高橋の異動に伴い首都大学東京に移管）、RNA等の核酸濃度定量、純度検定に必須の機器、マイクロアレイ解析、次世代シーケンサー解析に供するサンプルの見積もりにフル活用された。

- ・スタンダード顕微鏡一式（鈴木班平成26年度購入、Carl Zeiss社製、4,800,654円、三重大学設置）可視光およびUV光下で細胞観察するための機器で、受粉時インセスト回避機構の花粉拒絶あるいは受け入れの細胞内動態を観察するためにフル活用された。本領域の研究推進に必要な不可欠な機器であり、三重大の共通機器の老朽化に伴い、中途年度で購入した。

- ・テレスコープ式実体顕微鏡（鈴木班平成25年度購入、Carl Zeiss社製、2,999,850円、三重大学設置）受粉時の花粉動態を経時的に観察するための機器で、インセスト回避機構を有する場合とない場合の受粉における花粉の挙動観察にフル活用された。研究の進捗状況にあわせて中途年度で購入し、本領域の研究推進に大きく貢献した。

- ・高速多検体電気泳動システム（鈴木班平成23年度購入、Agilent社製、3,998,295円、三重大学設置）多検体の遺伝子型を高速かつ効率的に電気泳動解析するため機器で、アブラナとシロイヌナズナ後代集団のジェノタイピングにフル活用された。研究の効率化により、領域内・班内共同研究の成果発表に大きく貢献した。

・研究費の使用状況

(1) 主要な物品明細 (計画研究において購入した主要な物品 (設備・備品等。実績報告書の「主要な物品明細書」欄に記載したもの。) について、金額の大きい順に、枠内に収まる範囲で記載してください。)

年度	品名	仕様・性能等	数量	単価 (円)	金額 (円)	設置(使用)研究機関
23	レーザーレスマルチカラー共焦点システム	オボトライン製 LMCS-N	1	9,645,825	9,645,825	奈良先端科学技術大学院大学
	DNA 切断装置	Covaris 社 S-series Model S-220	1	7,308,000	7,308,000	(財) 岩手生物工学研究センター
	CFX96 リアルタイム PCR 解析システム	バイオラッドラボラトリーズ製	1	4,723,950	4,723,950	名古屋大学
	高感度生物発光測定装置	Churitsu 社 CL96-4	1	4,494,000	4,494,000	(財) 岩手生物工学研究センター
	DNA シーケンサー	米国ライフテクノロジーズ社製 ABI PRISM 3100-Avant to 31	1	4,095,000	4,095,000	名古屋大学
	高速多検体電気泳動システム	アジレント社製 2200Tape Station	1	3,998,295	3,998,295	三重大学
	核酸定量装置	アジレント社製バイオアナライザ 2100	1	2,990,925	2,990,925	国立遺伝学研究所
	核酸定量装置	アジレント社製バイオアナライザ 21002100	1	2,957,850	2,957,850	名古屋大学
	定量 PCR 装置	Thermal Cycler Dice Real Time System II Takara	1	2,676,975	2,676,975	国立遺伝学研究所
	人工気象器	日本医科器械製作所製 LPH-500HC	1	2,565,045	2,565,045	横浜市立大学
	人工気象器	日本医科器械製作所製 NC-410HC	2	2,457,945	4,915,890	横浜市立大学
	インキュベーターシェーカー	NBS 製 44R	1	2,371,950	2,371,950	奈良先端科学技術大学院大学
	高速ビデオカメラシステム	Photron 製 ID-Express R2000	1	2,350,000	2,350,000	国立遺伝学研究所
	微量分光光度計	Scrum 製 Nano Drop 2000C	1	1,804,950	1,804,950	国立遺伝学研究所
24	超低温フリーザー	パナソニック製 MDF-594AT-PJ	1	1,802,850	1,802,850	名古屋大学
25	テレスコプ式実体顕微鏡	カルツァイス社製 SteREO Discovery V20	1	2,999,850	2,999,850	三重大学
26	スタンダード顕微鏡一式	カルツァイス社製 Axio Imager A2	1	4,800,654	4,800,654	三重大学

(2) 計画研究における支出のうち、旅費、人件費・謝金、その他の主要なものについて、年度ごと、費目別に、金額の大きい順に使途、金額、研究上必要な理由等を具体的に記述してください。

【平成 23 年度】

- ・ 旅費 4,098,221 円 鈴木班 オーストラリアとアメリカで開かれた国際学会への参加、研究立ち上げの為の共同研究先への調査研究旅費や研究打ち合わせ旅費が必要だったため。
- ・ 旅費 727,140 円 木下班 当該領域の成果発表のための各種学会発表、キックオフシンポジウム、班会議等に必要であった。
- ・ 旅費 630,390 円 北野班 各種学会発表、キックオフシンポジウム、班会議、北海道厚岸トゲウオフィールド調査旅費に必要であった。
- ・ 人件費・謝金 11,178,152 円 松田班 *Phodopus* 属ハムスターの雑種不妊機構の解析、雑種胚性致死の分子機構、異質四倍体種アフリカツメガエルの遺伝子マッピング、ニワトリーウズラ間雑種の胚性致死の発生学的研究のため複数の博士研究員雇用、データの取りまとめと研究室事務のために技術補佐員 1 名を雇用。
- ・ 人件費・謝金 8,500,686 円 木下班 当該研究目的のための博士研究員、技術補佐員をそれぞれ複数名雇用したため。
- ・ 人件費謝金 8,092,712 円 鈴木班 イネ低分子 RNA 網羅的解析にむけた PD 2 名と技術補佐員 2 名の集中的人件費投入のため。
- ・ その他 8,022,858 円 北野班 トゲウオの次世代シーケンサー、トランスクリプトーム解析、DNA シーケンス解析等。
- ・ その他 7,993,365 円 松岡班 カニクサの生活環を通じた各過程から高密度トランスクリプトームを行うために大量の DNA を解析した。
- ・ その他 4,675,287 円 高橋班 当該研究に関するショウジョウバエからの次世代シーケンサー読み取り。

【平成 24 年度】

- ・ 旅費 2,355,220 円 鈴木班 若手の会に仙台から多数の学生が参加し、大阪-仙台の拠点間でのアブラナ科新規生殖隔離機構解析の研究打ち合わせ旅費、および国際学会（アメリカ）参加。
- ・ 旅費 1,666,310 円 北野班 当該領域成果発表のための国際学会旅費、国内学会旅費並びに北海道厚岸トゲウオフィールド調査旅費のための旅費。
- ・ 旅費 1,295,265 円 木下班 当該領域成果発表のための国際学会（韓国、オーストラリア）、国内学会旅費など
- ・ 人件費・謝金 14,483,340 円 高山班 アブラナ科ナス科植物の交雑適合性の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 9,448,323 円 寺内班 植物-病原菌相互作用の集団ゲノミクス解析のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 7,979,868 円 木下班 植物の胚乳における父母のエピジェネティックな軌轍と調和の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ その他 4,677,100 円 木下班 奈良先端大への実験室プロジェクトスペースチャージ料支払い、イネ種間交雑における胚乳のトランスクリプトーム解析。
- ・ その他 3,595,764 円 松岡班 カニクサの生活環の様々なステージにおける高密度トランスクリプトーム解析のため。
- ・ その他 3,361,980 円 高橋班 ショウジョウバエ種分化に関する次世代シーケンサー、データ読み取り。

【平成 25 年度】

- ・ 旅費 2,571,550 円 鈴木班 国際学会（アメリカ）での受粉機構と柱頭トランスクリプトームの成果発表に加え、北海道での新学術領域・若手の会への学生旅費など。
- ・ 旅費 2,472,036 円 北野班 北海道厚岸トゲウオフィールド調査旅費、班会議参加、学会参加等。
- ・ 旅費 1,941,105 円 寺内班 各種学会、国際学会等旅費。
- ・ 人件費・謝金 15,345,997 円 高山班 アブラナ科ナス科植物の交雑適合性の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 13,436,798 円 木下班 植物の胚乳における父母のエピジェネティックな軌轍と調和の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 10,880,869 円 寺内班 植物-病原菌相互作用の集団ゲノミクス解析のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ その他 8,400,073 円 木下班 奈良先端大への実験室プロジェクトスペースチャージ料支払い、イネ倍数体間交雑での全ゲノムメチローム解析委託など。
- ・ その他 6,071,110 円 北野班 トゲウオ SNPs、トランスクリプトーム解析など。
- ・ その他 2,800,686 円 高山班 当該領域に関する次世代シーケンサー読み取り、成果発表雑誌投稿料など。

【平成 26 年度】

- ・ 旅費 2,140,180 円 鈴木班 国際学会（ドイツ・アメリカ）への参加、国内学会、研究打ち合わせ等。
- ・ 旅費 1,866,472 円 寺内班 各種学会、国際学会等旅費。
- ・ 旅費 1,541,094 円 北野班 北海道厚岸トゲウオフィールド調査旅費、当該領域成果発表のための学会旅費、班会議参加旅費など。
- ・ 人件費・謝金 13,756,847 円 高山班 アブラナ科ナス科植物の交雑適合性の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 13,687,763 円 木下班 植物の胚乳における父母のエピジェネティックな軋轢と調和の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 10,773,856 円 寺内班 植物-病原菌相互作用の集団ゲノミクス解析のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ その他 2,253,186 円 高橋班 当該研究に関する次世代シーケンサーデータ読み取り。
- ・ その他 2,065,207 円 木下班 研究機器移設費用。
- ・ その他 1,533,441 円 鈴木班 シロイヌナズナ柱頭細胞の受粉時トランスクリプトームのため、三重大遺伝子実験施設に次世代シーケンサー解析委託。

【平成 27 年度】

- ・ 旅費 2,209,362 円 国際学会（ドイツ）での国際旅費、名古屋大学松岡班との共同研究打ち合わせ旅費、国内学会成果発表など。
- ・ 旅費 1,642,974 円 北海道厚岸トゲウオフィールド調査旅費、当該領域成果発表のための学会参加旅費、班会議参加等。
- ・ 旅費 640,041 円 松岡班 アメリカ国際学会参加旅費など。
- ・ 人件費・謝金 11,924,004 円 高山班 アブラナ科ナス科植物の交雑適合性の解明のための博士研究員、技術補佐員雇用のため。
- ・ 人件費・謝金 5,689,923 円 鈴木班インセスト回避因子のマッピングの実験補助経費に集中投入したのに加え、PD 1 名・技術補佐員 2 名の人件費が加算されたため。
- ・ 人件費・謝金 4,372,911 円 松岡班 カニクサ造精器誘導物質の生化学的解析のための実験補助員雇用費。
- ・ その他 2,748,396 円 松岡班 実験補助員のための派遣料。カニクサのジベレリン進学伝達解析に必要な機械の修理。
- ・ その他 高橋班 ショウジョウバエ種分化に関する次世代シーケンサー、データ読み取り。
- ・ その他 北野班 トゲウオ次世代シーケンサーデータ読み取り、論文投稿料など。

(3) 最終年度（平成 27 年度）の研究費の繰越しを行った計画研究がある場合は、その内容を記述してください。

木下班では最終年度の繰越しを行った。奈良先端大から横浜市大への機器類の移設の影響か、数多くの人工気象器（全て日本医科器械製）に原因不明の故障が頻発した。移設時の振動、電源の周波数の変更など様々な原因が考えられる。夏場の圃場におけるイネ品種の生育に合わせて、開花期の異なる野生種や倍数性種の育成を当該人工気象器を用いて行っていたが、度重なる故障が原因で計画していた交配が出来なかった。現在機器類の応急修理は完了しており、実験をやり直す計画である。そのために、直接経費 2,500,000 円を次年度へ繰り越した。その内訳は、物品費：遺伝子発現解析、カスタムマイクロアレイ作成費等として 1,900,000 円、旅費として 100,000 円、英文校閲謝金として 200,000 円、その他の品目としてオープンアクセスジャーナル投稿料として 300,000 円を計上している。

9. 当該学問分野及び関連学問分野への貢献度（1ページ以内）

研究領域の研究成果が、当該学問分野や関連分野に与えたインパクトや波及効果などについて記述してください。

本新学術領域は、研究材料や学問領域が全く異なる研究者が結集し、新たな遺伝学領域を創成しようとした点が最大の特徴であった。研究材料としては、ウイルス、バクテリア、昆虫、魚類、鳥類、哺乳類、植物など極めて多岐に渡り、モデル生物にとどまらず様々な野外生物を対象とする領域であった。また学問領域も遺伝学を中心に分子生物学、進化生態学、植物生理学、育種遺伝科学、分子進化、集団遺伝学、農学、医学まで幅広く対象としてきた。従って、「ゲノム・遺伝子相関」の共通原理・共通機構を巡った研究発表は、様々な学会で従来の会員以外が含まれる異分野融合のワークショップ、シンポジウムとして数多く取り上げられてきた。

「ゲノム・遺伝子相関学」は、ゲノムの多様な成り立ちを深く掘り下げる学問分野である。そうした意味においては、次世代シーケンサーのデータ解析の普及により、集団あるいは個々の個体毎の膨大なゲノム情報が扱える現在に最もふさわしい学問分野の一つと言える。本領域の成果として、生物の持つゲノム情報は漫然と変化する訳ではなく、パラサイトと宿主ゲノムのせめぎ合い、オス・メスゲノムのせめぎ合いに代表される生物学的軋轢と、遺伝子重複、シス変異の多様化、染色体構造変化・倍数化、トランスポゾン挿入、エピジェネティック制御の変化、などのダイナミックなゲノム配列の変化と相関があることが明らかになりつつある。つまり、「ゲノム・遺伝子相関」の実体は、「生物学的軋轢」と「ゲノム配列・ゲノム制御機構の変化」、と捉えることができる。様々な生命現象において繰り広げられる軋轢に、ゲノム配列・ゲノム制御機構の変化の共通項が抽出できることは極めて興味深い。

新しい概念として打ち立てられた本領域は、様々な学問分野に影響を与えている。例えば、平成25年の日本遺伝学会第85回大会において、「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」（領域代表長谷部光泰）とのジョイントシンポジウムを行い、進化の分野の専門家と共通原理に関して議論がなされた。また、平成27年度に開催した国際シンポジウムでも、異なる現象、異なる材料を用いる外国人研究者を招聘し活発な議論が行われた。関連した国内学会に関しても、日本分子生物学学会、日本生化学学会、日本進化学会、日本遺伝学会、日本植物学会、日本植物生理学会、日本動物学会、など多岐にわたった。また、「動植物に共通するアロ認証機構の解明」など他の新学術領域との班会議やシンポジウムでの相互招待講演や、植物分野の研究者が動物学会のシンポジウムで講演するなど、所属学会を超えた招待講演も多数行われた。加えて、本研究領域が明らかにした、性染色体の進化、ゲノム重複による進化、トランスポゾンがゲノム果たした役割など、「ゲノム・遺伝子相関」における成果の一部はNHKなどの科学番組に取り上げられる機会が多く、また花成ホルモンであるフロリゲン複合体に関しては、新しい高校生物学の教科書にも取り入れられていることから、社会へのアウトリーチも十分に果たされたと考えられる。

こうした本新学術領域「ゲノム・遺伝子相関」の大きな成果は、現在、日本遺伝学会の学会誌、Genes & Genetic Systems 誌に特集号を編纂中であり、さらなる波及効果を与えることを計画している。

10. 研究計画に参画した若手研究者の成長の状況（1ページ以内）

研究領域内での若手研究者育成の取組及び参画した若手研究者（※）の研究終了後の動向等を記述してください。

※研究代表者・研究分担者・連携研究者・研究協力者として参画した若手研究者を指します。

ゲノム・遺伝子相関の本新学術領域では、班会議、国際会議などにおいて、若手研究者からの活発な議論が特に目立った領域であった。「新たな遺伝学分野の創成」という意味において、博士研究員、大学院生をはじめとした若い研究者ほど、新分野を意識した本領域への注目度が大きかった。こうした若手の層の活発な議論により分野横断的な領域運営が可能であったと言える。領域の班員に立ち返ると、30代の若手研究者のほとんどが任期付きのポジションであり、かつ領域の研究期間内に任期を迎える研究者が多かった。大学におけるアカデミックポジションの削減という困難な状況の中、この5年間のうちに、計画班員代表者8名のうち5名が、公募班員代表者計26名のうち14名が昇進した。計19件の昇進のうち、組織の異動を伴ったものが14件であった。内訳は、企業の研究職が2件、助教レベルから准教授レベルへの昇進が10件、助教または准教授レベルから教授レベルへの昇進が6件、教授レベルでの異動が1件となっている。こうした結果は、班会議、若手の会、国際シンポジウムなどで、領域代表を中心としたシニア世代が若手育成に積極的に取り組んできた成果と言える。

11. 総括班評価者による評価（2ページ以内）

総括班評価者による評価体制や研究領域に対する評価コメントを記述してください。

当領域では、総括班評価委員として、岡田典弘（東京工業大学・名誉教授、台湾國立成功大学・教授）、角谷徹仁（東京大学・教授、国立遺伝学研究所・教授）、鳥山欽哉（東北大学・教授）、関原明（理化学研究所・チームリーダー）、森脇和郎（理化学研究所・特別顧問、平成25年11月23日ご逝去）の5名の先生方に、領域の研究活動や運営方針などに関するご助言を頂いてきた。

東京工業大学・名誉教授、台湾國立成功大学・教授 岡田典弘先生

現在の日本の科学行政に求められていることの一つは、最新の科学情報を最善の形で多くの日本のトップの研究者が共有し、その情報を共有することで個々の研究者ができるだけ良い研究を成就しやすいシステムを作ることにあるのではないかと思われる。科学の進展は著しく、技術の進歩も日進月歩で誰も一つの研究室でそれら全てを取り入れ、最先端の研究を達成することは不可能である。「新学術領域研究」はそのようなことを可能にするシステムであるが、高山誠司博士によって組織された「ゲノム・遺伝子相関」はそのような「新領域」の目的を十分達成し、素晴らしい成果を上げてきたと思う。その結果ここで示されているような世界のトップジャーナルに多くの研究成果が報告されている。ゲノムと遺伝子の複雑な相関は、生物界の多様な現象から容易に見て取れるが、それを解きほぐすのは容易ではない。この高山博士によって組織された「新領域」は、多様な生物現象を取り扱う過程で、中心となる分子メカニズムとして「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」を抽出してくるのに成功した。これらの研究成果をもとに、個々の生物現象の理解がさらに深まり、これらの分野がますます盛んになることを期待している。

東京大学・教授、国立遺伝学研究所・教授 角谷徹仁先生

ゲノム間の共同や軋轢という、遺伝学研究の中でも特に興味深い課題にとりくんだ。課題の難しさにもかかわらず、計画班、公募班とも、期間中に多くの注目すべき成果を得ている。たとえば、自他認識、宿主—病原菌相互作用、機能獲得進化、インプリンティング、種分化などに関して顕著な業績があった。論文発表も、全体として評価できるレベルにある。

本領域の班会議は、発表内容が面白く、充実しているのに加え、議論が活発で、いつも楽しませていただいた。とくにゲノミクス関連で新たな方法を使う研究が多いこともあり、班員の間での技術やアイデアの共有など、領域全体として、とても良い相互作用があったと考える。領域内の若手が元気で、今後のこの分野を担う人材も育ってきていると実感した。班員によってオーガナイズされた多くのシンポジウムやワークショップを含め、他分野へのアピールもできていたと考える。

以上、本領域は当初の目的を達成したと高く評価するとともに、今後のこの新しい分野の発展を期待したい。

東北大学・教授 鳥山欽哉先生

本新学術領域の班会議は、いつも議論が活発であり、特に、共通性のある分子メカニズムについては、生物種を越えての議論が成されていた。毎年度送られてくる「研究成果報告書」も充実しており、掲載されている発表論文などの最初のページを見ると、活発な研究がなされたことがわかる。様々な「ゲノム・遺伝子相関」の実態解明が成され、Nature, Science, Cell 及びその姉妹紙をはじめとするインパクトの高い国際誌への論文発表が多数あり、研究成果が高く評価できる。

多くの共同研究が成されており、生物種を越える共同研究も行われている。関連学会におけるワー

クショップが多数開催され、最終年度には、国際シンポジウムも開催された。また、若手研究者支援ということで、若手の会が毎年開催され、次世代を担う研究者が生物種を越えて交流を行っていたことは、将来の関連領域の研究の推進力になることが期待される。

積極的で多様なアウトリーチ活動を行っている点も高く評価できる。本新学術領域ホームページでは、班員の最新レポートが随時掲載され、領域活動の活発な発信が行われていた。さらに、出前講義後に戻ってくる手紙などに対して、丁寧に個別の返事を書いている事例も見られ、これらの取り組みにより、小中高生が、本領域に興味を持つことが期待され、将来の理系研究者育成につながると期待される。

本新学術領域の所期の目的は達成されたと高く評価できる。

理化学研究所・チームリーダー 関原明先生

ゲノム解析技術の急速な発展に伴い、特定の遺伝子座においても対立遺伝子の多様性が解明され、複数の遺伝子座間で多様な対立遺伝子の相互作用（相性）を解析する領域である「ゲノム・遺伝子相関」は、まさに時を得た研究領域の発足であり、ゲノム解析の立場からも興味深いものである。領域内に動物、植物、微生物等の異なる生物種を含み、この大きく異なる生物種間の共同研究は困難を極めたが、それを打破するために班会議や若手の会などで生物種を超えて活発な議論がなされ、多くの共同研究が行われた。それら共同研究を通して、様々な生命体が有する「ゲノム・遺伝子相関」が解明されたことは評価できる。その共通原理としては、「エピジェネティック制御」、「遺伝子重複・多様化」、「シス変異」、「トランスポゾン」、「染色体変化・倍数化」などが抽出され、今後の発展も期待できる。研究成果は世界的に評価されている *Nature*, *Science*, *Cell* とその姉妹紙に数多くのインパクトのある成果を発表しており、また、多くの論文が複数の研究班からなる共同研究であったことも評価できる。関連学会のワークショップやシンポジウムも多数開催している。

領域としての重要な活動である「若手育成」では、若手の会が各年度で開催され、生物種を超えた大学院生を含めた若手研究者が交流できたことは、これからの「ゲノム・遺伝子相関」という新たな研究領域での異分野交流による新たな研究展開が期待できる。多くの若手研究者の昇進も見られ、「若手のリーダー育成」の面でも評価できる。アウトリーチ活動は、これまでの領域型研究で多く見られた「市民講座」形式ではなく、小中高校への出前講義が主体であり、その内容、数の多さは評価できる。こうした細かな活動が将来のこれら関連領域の研究者養成に貢献できると判断した。以上のように、今後も「ゲノム・遺伝子相関」分野の益々の発展が期待できる、高い研究成果発表や活動を行っている領域であった。