

領域略称名：複合適応形質進化
領域番号：3219

平成24年度科学研究費補助金「新学術領域研究
(研究領域提案型)」に係る研究経過等の報告書

「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」

(領域設定期間)
平成22年～平成26年

平成24年6月

領域代表者 自然科学研究機構・基礎生物学研究所・生物進化研究部門
教授・長谷部光泰

目次

1. 研究領域の目的及び概要	3
2. 研究の進展状況	4
3. 研究を推進する上での問題点と今後の対応策	5
4. 主な研究成果（発明及び特許を含む）	6
5. 研究成果の公表の状況	1 6
6. 研究組織と各研究項目の連携状況	2 4
7. 研究費の使用状況	2 7
8. 今後の研究領域の推進方策	2 7
9. 総括班評価者による評価の状況	2 9

1. 研究領域の目的及び概要

新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」（平成22年度～平成26年度）

研究代表者：自然科学研究機構・基礎生物学研究所・生物進化研究部門 教授 長谷部光泰

補助金交付額（平成22年度 256,600千円、平成23年度 270,500千円、平成24年度 272,700千円、平成25年度 315,500千円（申請額）、平成26年度 299,500千円（申請額））

（目的）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、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。近年の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るが、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い。そこで、本領域では、ゲノム生物学者、情報数理生物学者によって、**新型シーケンサー**などを活用した非モデル生物にも適用可能な新実験研究手法の開発を行い、進化生物学者と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。

（概要）複合適応形質がどのように進化したかを明らかにするために、下記の研究を行う。

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

新型シーケンサーを用いたde novoゲノム配列決定法、効率的SNPマッピング法、新型シーケンサーによる少量サンプルを用いた発現プロファイル法、大量mRNAシークエンスとそのde novoアセンブリーにもとづくアノテーションと発現プロファイリング法、発現プロファイルからの比較トランスクリプトーム解析法などの開発を行う。

2. 複合適応形質を制御する遺伝子の同定

複合適応形質の責任遺伝子を同定するために、（1）連鎖解析法、ゲノムワイド関連解析（GWAS）法などによって責任遺伝子座を同定する方法、（2）複合適応形質が形成される段階で特異的に発現する遺伝子に注目して責任遺伝子を探索する方法、（3）モデル生物における研究結果から外挿し候補遺伝子を想定してその機能解析をする方法を、本領域で開発した新しい実験方法と組み合わせながら、各班とゲノム支援班の連携のもと研究する。

3. 複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク構築（進化）メカニズムの研究

複合適応形質の責任遺伝子を中心とした遺伝子ネットワークがどのように変化することで新奇に複合適応形質が産み出されたのか、そのメカニズムを解明する。

4. 複合適応形質を担う遺伝子ネットワークの構築（進化）プロセスの研究

複合適応形質を担う遺伝子ネットワークが集団中でどのように生じ、固定していったのか、また、遺伝子ネットワーク進化初期に予想される適応度の低い状態をどのように乗り越えたのか、あるいは、適応度の低い状態を介さず複合適応形質を進化させることが可能であったのかについて、野外集団の解析などを通して解明する。

2. 研究の進展状況

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

ゲノム生物学者、情報数理生物学者からなる方法開発班（西山代表）を計画班に設置し研究法開発を行っている。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でいる。概要配列がわかっているヒメツリガネゴケ、エンドウヒゲナガアブラムシを用いて、エラー率などのパラメータとアルゴリズムの検討を行っている。今年度中にゲノムサイズが400 Mbのクルミホソガ、1 Gbのフクロユキノシタ、1.5 Gbの褐虫藻、97 Mbのネムリユスリカ、プロジェクト期間中に250 Mbのナミアゲハと250 Mbのシロオビアゲハを決定予定である。また、他の実験手法についても順調に開発が進行し（Kadota et al. 2011 Algorithms Mol. Biol.、Nishiyama et al. 2012 PLoS Oneなど8論文を公表）、領域内のほぼ全ての班との共同研究に供した。さらに、昆虫一般に適用可能な新規形質転換法を開発し（Yamaguchi et al. 2011 PLoS One）、領域内の共同研究に供した。これまでの研究から、ほとんどの班で責任遺伝子の機能解析を可能にする方法の確立が進んだ。これらの実験技術は非モデル生物を用いた他の研究領域の発展にも波及効果をもたらすと考えている。我が国で生物学者への普及が立ち遅れているバイオインフォマティクスを若手研究者に浸透させるため、総括班において若手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. 複合適応形質を制御する遺伝子の同定

複合適応形質のうちで特に重要と考えられる以下の7種類の形質を選抜し責任遺伝子の同定が順調に進んでいる。(1) 新奇適応形態の責任遺伝子について、トランスクリプトーム（Irie and Kuratani 2011 Nature Communications）やスポンゲノム解析などから明らかになった遺伝子カタログに基づき*Wnt5a*が背甲進化の鍵である可能性が高いことがわかった。(2) 食草転換の責任遺伝子について、カイコ近縁種がクワ科植物への食草転換に*Bmac j6* POU-ホメオドメインタンパク質遺伝子が関わったことを明らかにした（Fujii et al. 2011 PNAS）。さらに、クルミホソガ食草転換責任遺伝子を170 kbの領域まで絞りこんだ。(3) 擬態の責任遺伝子について、擬態モデルとしてカイコ斑紋変異を生じる*ms*、*Ze*、*p*遺伝子候補の絞り込みに成功し、確認のための機能解析を開始した。また、擬態制御遺伝子同定のために、シロオビアゲハの擬態責任遺伝子を1.3 Mbの領域まで絞りこんだ。(4) 共生成立に必要な遺伝子を同定するため、共生細菌の感染がアブラムシの体色変化を引き起こすことを明らかにし（Tsuchida et al. 2010 Science）、その制御遺伝子の研究に着手した。また、アーバスキュラー菌根菌ゲノム解読を行い、共生時に発現変動する遺伝子を特定した。その他、(5) 形態と行動をとともに制御する遺伝子、(6) アロメトリックな形態変化の責任遺伝子、(7) 代謝様式を環境に適応して複合的に進化させる遺伝子などの探索に着手した。

3. 新奇複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク構築（進化）メカニズムの研究

新奇複合適応形質を担う遺伝子ネットワークがどのようなメカニズムによって進化してきたかについて、22班で異なった材料、異なった複合適応形質について研究を進めている。領域会議などを通じて、多様な研究者による新たな視点からの議論を通し、これま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」点が共通したメカニズムであることがわかってきた。他の遺伝子との制御関係が多い多分岐結節点遺伝子を変化させることで、複合適応形質のように複雑な変化が短期間で引き起こされたのではないかと考えられる。このメカニズムが、本領域で研究している異なった複合適応形質進化に共通に用いられている可能性が高い。これまでの進化学研究において、minor effect遺伝子が小進化に、major effect遺伝子が

複合適応形質進化をはじめとする大進化に関わるという仮説が繰り返し提唱されてきたが、major effect遺伝子がほとんど特定出来なかったために、大進化の進化メカニズムが不明であった。本研究により、major effect遺伝子、すなわち多分岐結節点遺伝子の例が複数明らかになり、その進化メカニズムの研究が大きく進展すると考えている。一方、数理生物学的研究と実験生物学的研究の両方から、遺伝子ネットワークを大きく変化させなくても、表現型に大きな変化を引き起こせるのではないかとという研究成果が得られており (Fujita et al. 2011 PLoS One)、major effectを持つ多分岐結節点遺伝子の進化以外でも複合適応形質が進化する可能性について解析を進める予定である。

4. 複合適応形質を担う遺伝子ネットワークの構築（進化）プロセスの研究

実際の進化の過程でどのように複合適応形質に関わる遺伝子が集団中に固定してきたのかという進化プロセスについて、集団遺伝学的要素を重視して研究を進めており、祖先集団内多型が、交配によって集団内に固定していく可能性があることが明らかになりつつある。また、実験的に進化プロセスを解明する研究も開始した。

3. 研究を推進する上での問題点と今後の対応策

新型シーケンサーPacBio RSの発売が約1年間遅れ、平成22年度導入予定が平成23年度末の導入となり、平成24年度5月に稼働した。科研費の繰越を行うことにより、無事導入、稼働できた。また、PacBio RSの解析に先んじてHiSeq 2000を用いた解析を行ったため、研究遂行への影響を最小限にとどめることができた。

当領域では、HiSeq2000や454などの次世代シーケンサーを持たないため、配列決定のために、各班ごとに、新学術領域「ゲノム支援（小原雄治代表）」や基礎生物学研究所「次世代シーケンサー共同利用実験」へ応募した。計画班を除くほとんどの班で、ゲノム研究は初めてであったため、本領域総括班ゲノム支援委員会において、申請書作成を申請者と共同で行うことで、全ての班でどちらかの応募に採択され、無事、配列決定を行うことが出来た。ただ、「ゲノム支援」は競争率が高くなり、本領域からの採択率が下がっていること、「次世代シーケンサー共同利用実験」は機器が混み合いデータを得るために数ヶ月待たなければならないことから、今後は、海外企業への外注も含め、領域全体の問題として検討している。

4. 主な研究成果（発明及び特許を含む）

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

（1-1）新型シーケンサーを用いたde novoゲノム配列決定法の開発

非モデル生物の研究は、近交系ではなく野生に近い多型を多く含んだサンプルを対象にする必要がある。また、モデル生物のようにゲノムサイズが小さいことを優先していないため比較的大きく複雑なゲノムを対象とする事になる。さらに、少数の研究室で小規模に行われている場合が多いため、安価、省力、短時間にゲノム解読を行える方法の開発が必須である。本領域では、従来の100 bp程度の短い配列を高精度に大量に決定できるIllumina社HiSeq2000と数kb程度の長い配列を低精度に大量に決定できるPacBio社 PacBio RSを組み合わせることによって、この目的を達成しようとしている。本年3月にPacBio RSを導入し、現在、順調に稼働し、技術開発に着手している。ヒメツリガネゴケ及びエンドウヒゲナガアブラムシのゲノムDNAを平均6 kbに剪断したDNA断片をもとに作成したライブラリーを用いて、平均有効決定配列長1.4 kbを得ている。ライブラリー調製法を最適化するとともに、挿入欠失塩基置換のパターンごとのエラー率を求め、アセンブリーに用いる。

（1-2）効率的SNPマッピング法の開発

遺伝学的地図の作成ならびに、複合適応形質に連鎖する一塩基多型（SNP）を遺伝学的地図上にマップしていくことは、複合適応形質を担う遺伝子を探索する上で、最も有効な方法である。しかし従来の、既知のSNP情報にもとづく合成プローブを配置したアレイを用いる方法は製造コストが高く非モデル生物の解析に不向きである。またゲノムの10倍以上の大量のシーケンス情報を個体ごとに取得する方法では膨大なコストがかかる。そこで、モデルケースとして、ヒメツリガネゴケの異なる系統GransdenとVillersexelの交配によって得られた分離集団を用いて、個体あたり従来の1/20以下であるゲノムの0.5倍分程度のシーケンスデータを取得し、欠損値を補完する方法の開発に成功し、安価で効率的マッピングを行うことができるようになった。これまでに分離集団のゲノム配列をIllumina GAIIXでindexingして決定し、参照ゲノム配列にマッピングし検出したSNP情報から、信頼性の高い多型データセットを選抜し、連鎖情報を得た。

（1-3）新型シーケンサーによる少量サンプルを用いた発現プロファイル法の開発

非モデル生物は大量の実験材料を集めることが困難な場合が多い。そこで、少量のサンプルを用いて発現プロファイリングができる方法の開発を行っている。レーザーマイクロダイセクションによって微小組織を単離し、RNA-seqを行う方法の開発を行い、成功した。具体的には、エンドウヒゲナガアブラムシの複数の共生関連組織（germarium）をレーザーマイクロダイセクションによって切り出した。4.6 ngの精製RNAを、DNA/RNAキメラプライマーを用いたリニアDNA増幅反応であるRibo-SPIA（Single Primer Isothermal Amplification）法によって増幅、cDNA合成し、HiSeq2000でシーケンスし、リードの約50%をゲノムにマップする事に成功した。また、細胞内共生細菌ブフネラを格納するアブラムシの共生器官から得られたtotal RNAをpolyA selectionを経ることなくSPIA法によって増幅しHiSeqシーケンスを行い、宿主真核細胞と共生原核細胞の同時RNA-seqに成功した。

（1-4）大量mRNAシーケンスにもとづくアノテーションと発現プロファイリング法の開発

非モデル生物では、参照ゲノム配列がない場合、あっても高精度のアノテーションがなされていない場合が多い。参照ゲノム配列がなくても発現プロファイリングをする方法としてRNA-seqの配列をアセンブリーして解析する方法を確立した。このアセンブリーはゲノムのアノテーションにも有効に用いる事ができる。また、高精度のアノテーションはなくとも参照ゲノム配列がある時に有効な発現プロファイリング法を開発した。

市販のRNA-seqライブラリーの調製キットの標準プロトコルはリファレンスゲノムが明らかに

なっているモデル生物の発現定量解析を想定して作製されているためインサート長が短くなる。そのため、RNA-seq *de novo* assemblyに有利な長めのインサート長を実現するためにRNA断片化条件を最適化した。PCRバイアスを最小限にするためにPCRサイクル数を標準プロトコルより少なめに設定した。また、RNA-seqの結果から一貫して転写産物量を推定するため、Trinity-bowtie-RSEMの解析フローによって転写産物量を推定できるようになった。特にTrinityのGraphFromFastaステップのメモリ使用量を抑制し、大量の入力データでも現実的なメモリ使用量でアセンブリを行う事が可能になった。これにより、公募研究班で行っているRNA-seqのデータについても実際にアセンブルをする事ができた。

また、新規の5'末端決定ライブラリー調製法を用いたシーケンスデータにもとづくシンプルな遺伝子発現解析法を開発した(Nishiyama et al, 2012; PLoS One 7(5):e36471)。この方法は、アノテーションが不正確な場合でも参照ゲノム配列があれば利用可能である。

(1-5) 発現プロファイルからの比較トランスクリプトーム解析法の開発

非モデル生物では、発現変動の少ないハウスキーピング遺伝子セットが不明であり、発現プロファイルデータ自身から基準を作って比較トランスクリプトーム解析を行う必要がある。このため、発現変動遺伝子を発現プロファイルデータから識別した上で変動の認められない遺伝子を基準に発現変動を検出する新規正規化法TbTを開発した。この手法は非モデル生物に限らず有効であり、最近示された実際のデータの特徴（発現レベルが低いほどバラツキが大きい）をできるだけ模倣したシミュレーションデータを作成し解析を行ったところ、どのシミュレーション条件においても、これまでに提案された二群間比較解析手法（Rパッケージ名：edgeR, DESeq, baySeq, and NBPSeq）中で採用されている正規化法以上の性能を示すことを確認した。この成果は論文として発表する(Kadota K, Nishiyama T, Shimizu K. 2012; Algorithms Mol. Biol. 7:5)とともに、The Comprehensive R Archive NetworkよりR packageとして配布する(<http://cran.r-project.org/web/packages/TCC/>) ことにより領域内外で容易に利用可能とした。

研究1. 非モデル生物のゲノム解析法開発

非モデル生物解析での問題点

1. ゲノムの複雑さ
ゲノム解読のコストと労力大
2. 遺伝学的地図作成の
コストと労力大
3. 少量サンプル
真核・原核共生
4. 参照ゲノム/
高精度アノテーションがない
5. 標準ハウスキーピング
遺伝子セットがない



本領域で取り組む解決方法

PacBio RS (長リード)
HiSeq2000 (短リード高スループット)
を組み合わせ

HiSeq2000で個体あたり少量の配列解析

マイクロダイセクション・RNA増幅

RNA-seq アセンブリー
5'末端シーケンシング

グローバルな発現プロファイルから
変動する遺伝子を除いたセットで
正規化

2. 複合適応形質を制御する遺伝子の同定

これまでに、代表的な新奇複合適応形質である、新奇適応形態、食草転換、擬態、共生、形態と行動、アロメトリック形態変化、環境適応代謝転換、新奇細胞内小器官形成の責任遺伝子の特定が順調に進行している。

(1) 新奇適応形態の責任遺伝子

カメは、他の羊膜類では肋骨の外側に位置する肩胛骨が、その内側にシフトするという、形態要素の相対的位置関係の逆転がみられ、それに付随する筋形態の位置関係にも変化が起こっている。倉谷班（計画）では、このような複合的な形態要素の進化を引き起こした分子機構解明のため、スッポンの背甲形成時に発現する遺伝子の解析を進めたところ、Wntシグナル経路の発現獲得が背甲進化の鍵になった可能性があることがわかり、*Wnt5a*が有力候補であることを明らかにした。

昆虫のツノは、繁殖戦略と関連して雌雄間で異なって進化した新奇複合適応形質である。新美班（公募）では、ツノ形態に雌雄差があることに注目し、他の生物で性的二型形成を司る性決定遺伝子 *doublesex* を候補として、カブトムシとオオツノコクヌストモドキを用いてスプライシングバリエーションの発現様式、RNAiによる機能喪失実験を行った。予想が的中し、*doublesex* がツノ形成を制御する上位遺伝子であることが明らかになった。このことから、雌雄に共通した未発達な状態の形態が獲得され、つぎに *doublesex* 遺伝子の制御を受け、雄型スプライシングバリエーションの *doublesex* がツノ形成を促進し、逆に雌型スプライシングバリエーションが抑制することにより、雌雄で顕著に異なる形態が獲得された可能性が高いことがわかった。現在、総括班と共同の比較トランスクリプトーム解析、新美班で独自に開発したRNAi法にくわえ、藤原班からの技術導入を通じた形質転換法により、*doublesex* 遺伝子の下流因子の探索を行い、ツノ形成遺伝子ネットワーク解明を目指している。

食虫植物の捕虫葉は通常の植物の平面葉と大きく形態が異なり、その形成機構は全く不明である。長谷部班（計画）では、捕虫葉と平面葉を作り分けるフクロユキノシタを用いてそれぞれの葉を誘導する条件を解明するとともに、遺伝子機能解析系（RNAi系）の確立に成功した。現在、捕虫葉原基特異的に発現する遺伝子を探索している。遺伝子リスト作成のため、ゲノム支援班と共同でゲノム解読が進行している。また、ムラサキヘイシソウの捕虫葉において平面葉で機能する葉形態形成遺伝子の発現様式が変化していたことから、これらの遺伝子の発現様式を制御する遺伝子の変化によって捕虫葉が進化した可能性が高いことがわかった。

(2) 食草転換の責任遺伝子

食草転換は、幼虫の食性と雌親の産卵行動がともに変化してはじめて進化する。しかし両者を同時に制御する遺伝子があるのか、両者を別々に制御する遺伝子が強くリンクして存在しているのかはわかっていない。嶋田班（計画）では、カイコの幼虫の食性と成虫の性フェロモン応答性が同時に変化する突然変異体を解析し、幼虫食性と成虫行動を一括制御できる遺伝子を探索した。その結果、*Bmac j6* POU-ホメオドメインタンパク質遺伝子が責任遺伝子であることがわかった

(Fujii et al. 2011 PNAS)。長谷部班（計画）では、クルミホソガの食草転換遺伝子のQTLマッピングを行い、責任遺伝子座を170 kbの範囲に絞りこむことに成功した。現在、ゲノム概要配列決定などから責任遺伝子同定を目指している。

(3) 擬態の責任遺伝子

カイコの斑紋擬態遺伝子 (*ms*、*Ze*、*p* の3遺伝子座) の責任遺伝子座の同定に向け順調に実験が進んでおり、*p* 遺伝子座の同定に成功した。シロオビアゲハの擬態遺伝子座の連鎖解析により責任遺伝子を1.3 Mbの領域に絞りこむことに成功した。遺伝子同定のためにシロオビアゲハと近

縁種のナミアゲハのゲノム概要配列決定、トランスクリプトーム解析を行っている。ナミアゲハについてはほぼゲノム解読が完成した。

(4) 共生成立に必要な遺伝子

共生は寄主と宿主の間で複数の協調的な進化がおこらないと成立しない。また、寄生の場合には、寄主側のみの変化であるが、その成立過程はさまざまな中間段階を経ることが必要である。どのような遺伝子が共生や寄生成立の責任遺伝子だったかを明らかにするために、(a) アーバスキュラー菌根菌と植物、(b) エンドウヒゲナガアブラムシと *Rickettsiella*、(c) サンゴと褐虫藻の共生に関わる遺伝子を探索している。また、(d) 半寄生植物コシオガマが宿主植物への寄生能を獲得するに至った責任遺伝子の探索も行っている。

川口班(計画)では、アーバスキュラー菌根菌 *Glomus intraradices* DAOM197198のゲノム解読を国際コンソーシアムに参加し進めている。また、マメ科モデル植物のミヤコグサの根にアーバスキュラー菌根菌を共生させた菌根をサンプルとしてRNA-seqを行い、ミヤコグサ側で71の転写因子、アーバスキュラー菌根菌側で54の転写因子が発現変動することを明らかにした。現在、機能解析を進めている。深津班(計画)では、共生することによりホストの体色を変化させる共生細菌の同定に成功し(Tsuchida et al. 2010 Science)、その制御因子の解析に着手した。将口班(公募)では、サンゴ *Montastrea faveolata*由来の褐虫藻 *Symbiodinium* sp. クレードBのドラフトゲノムを解読し、約68,000遺伝子モデルを得、共生に関わった可能性のある遺伝子を探索している。吉田班(公募)では、寄生実験系を確立し、RNA-seq解析から寄生関連遺伝子の単離を目指している。

(5) 形態と行動をともに制御する遺伝子

動物のオスでは、体の一部が著しく発達するとともにその部位を用いた儀礼的な闘争行動や求愛行動を示す例がしばしば観察される。このような形態と行動の密接な関係は複合適応形質を構成しており、その進化には形態形成と神経機能という2つの異なる分子メカニズムが関与している。松尾班では、雄形態や行動が異なるショウジョウバエ近縁種間で比較トランスクリプトーム解析を行い、発現量の異なる遺伝子の探索を行っている。

(6) アロメトリックな形態変化の責任遺伝子

生物の進化過程では特定の器官のサイズや各部分の比率を変化させることがしばしば見られるが、祖先機能を保持しつつ、さまざまな部位を協調的に変化させ、最終的に器官サイズを変化させる分子機構はよくわかっていない。マイマイカブリは、餌である貝類の形態に応じて種ごとに頭部や胸部などの大きさや形が協調的に変化している。曾田班(公募)では、このような形態進化を引き起こした遺伝子を明らかにするため、総括班との共同研究を通して、連鎖地図作成、QTL解析、ゲノム配列決定、候補遺伝子探索を開始した。基礎情報として、マイマイカブリのゲノム解読を開始し、HiSeq2000による解読が順調に進んでいる。今年度、PacBio RSを用いた解析などを加えることにより、概要解読完了の予定である。さらに、異なった形態を持つ亜種間における交雑実験から、連鎖地図作成とQTLマッピングが予定通り進んでいる。候補遺伝子同定後の機能解析のための形質転換実験系を藤原班などとの協力により進めつつある。岡田班(公募)は、シクリッドの唇の肥大化に注目し、唇サイズの異なる種間交雑系を開発した。そして、QTL解析を行い、責任遺伝子領域の絞り込みを行っている。

(7) 環境に適応して代謝様式を複合的に進化させる遺伝子

生物はさまざまな外環境に対して適応している。外環境は代謝全般に影響を与える場合が多いため、祖先が適応していた環境から新しい環境へ適応するためには生体内の多くの形質を変化させる必要があると考えられる。特定の環境に適した恒常性を別の環境に適したものに変える過程において、一時的に不適応な状態をとる可能性がある。そのような進化がどのようにおこるかに

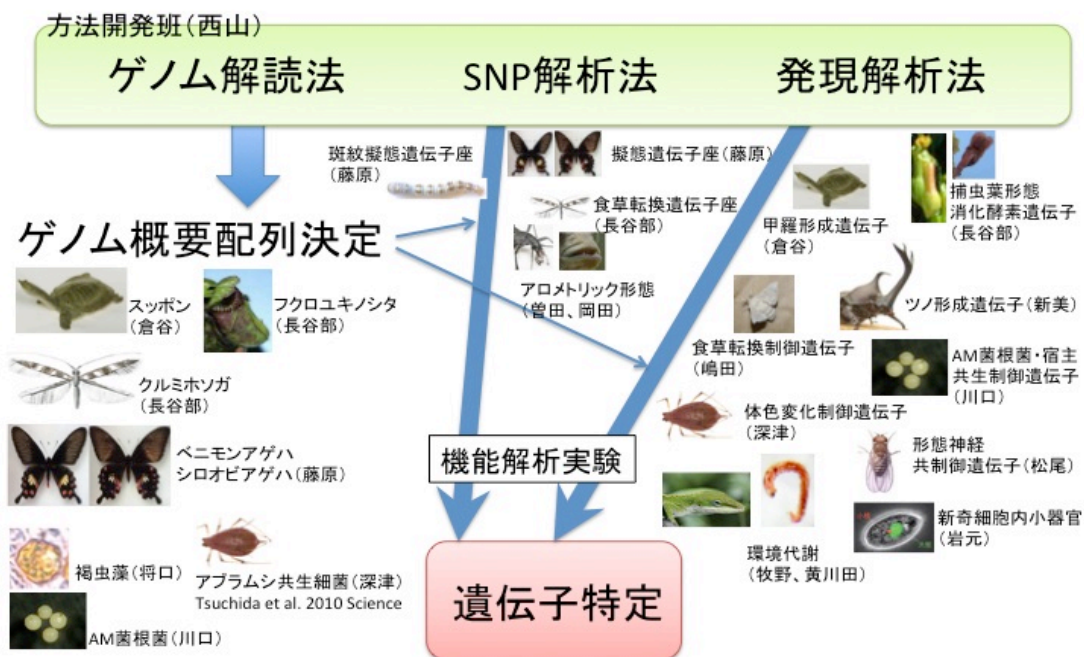
ついて、本領域では、アノールトカゲの異なった温度への適応進化（牧野班：公募）、食虫植物の消化酵素進化（長谷部班：計画）、ネムリユスリカとヤモンユスリカの乾燥無代謝休眠の進化（黄川田班：公募）の環境適応進化の責任遺伝子探索が進行中である。

環境適応は環境受容と環境応答（代謝、行動、順応）が調和して複合的に進化している。牧野班（公募）では、温度適応の異なる近縁な3種類のアノールトカゲのトランスクリプトーム比較から、異なった温度に対する適応にどのような遺伝子が関わっているかの推定を行っている。とりわけ、温度センサー遺伝子に注目した解析を行っている。効率的トランスクリプトーム解析のために、既発表種のゲノム概要配列をもとにこれら3種のリシーケンスを行った。領域終了までに、どのような遺伝子が関与しているかの推定を目指している。食虫植物の持つ消化酵素の起源は不明であったが、長谷部班（計画）により、病害抵抗に機能していた遺伝子を用いていることがあきらかになった。ネムリユスリカは通常の生物と異なり、完全に乾燥して代謝が停止しても死に至ることなく、再吸水すると復活する。このような乾燥無代謝休眠は半乾燥地帯で生育するために適応的な形質であるが、このような形質が進化するには、多くの代謝系が協調して進化せねばならない。黄川田班（公募）では、どのような遺伝子が乾燥無代謝休眠の責任遺伝子であるかを探索するため、ネムリユスリカと近縁であるが乾燥耐性を持たないヤモンユスリカのゲノム解読、比較ゲノム解析を行い、ネムリユスリカ特異的遺伝子の探索を行っている。両種とも反復配列やAT配列が多いため既存の次世代シーケンサーを用いた配列データだけではゲノム決定が困難であった。そこで、総括班ゲノム支援で新規導入したPacBio RSを用いた配列解析を行う予定である。

（8）新奇細胞内小器官形成

繊毛虫は1核のみを持つ祖先から、テトラヒメナのような2核性の種が進化してきた。核が2つになる過程で、さまざまな機能分化が必要である。とりわけ、2つの核が異なった機能を持つため、それらの核を区別する核—細胞質間輸送系が必須である。岩本班（公募）では、大核と小核のそれぞれに特異的な核移行シグナルを同定することに成功した。また、核への輸送担体である importin-βにも大核と小核特異的なものがあることを発見した。現在、大核と小核に特異的核移行シグナルを認識する輸送担体の解析を進めており、遺伝子進化と核—細胞質間輸送系の進化が明らかになることが期待できる。

研究2：複合適応形質遺伝子の同定



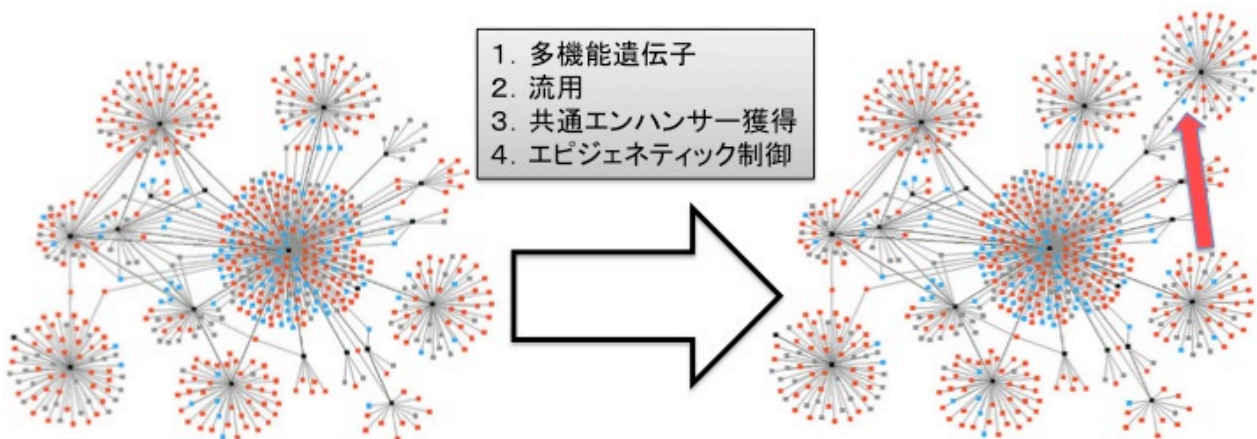
3. 新規複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク構築(進化)メカニズムの研究

これまでの計画班、公募班での研究成果を総括した結果、多くの複合適応形質進化において、「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)遺伝子が変わることによって、遺伝子ネットワークの組換えがおこり、複合適応形質進化が引き起こされる」点が共通したメカニズムであるらしいことがわかった。これまで、多分岐結節点遺伝子が複合適応進化に関わる可能性は示唆されてきたが、遺伝子が特定された例はほとんど無かった。本領域の今後の研究により、多分岐結節点遺伝子による複合適応形質進化の実体解明が大きく進展すると考えている。

具体的に、どのような多分岐結節点遺伝子がどのように変化するかについて、以下の4つの場合があることがわかった。(1)多分岐結節点遺伝子が多機能遺伝子として機能し、複数の表現型を同時に制御することにより、複合的な形質が進化する場合、(2)ある生命過程で用いられていた多分岐結節点遺伝子が、別な場所や時期に発現することにより、遺伝子ネットワークが流用され、新しい複合適応形質が進化する場合、(3)ゲノム内に大量に転移したSINE由来の配列がエンハンサー能を獲得することで、これらをトランスに制御する因子をコードする遺伝子が新規多分岐結節点遺伝子となる場合、(4)DNAやヒストンの修飾などのエピジェネティックな遺伝子制御を司る遺伝子が多分岐結節点遺伝子として機能し、多数の遺伝子発現を同時に変化させる場合である。

一方で、遺伝子ネットワークを大きく変化させることなく、表現型に大きな変化を引き起こすメカニズムも示唆された。

研究3: 複合適応形質遺伝子ネットワーク 進化メカニズム



多分岐結節点遺伝子の変化によるネットワーク組換え

(1) 多分岐結節点遺伝子が多機能遺伝子として機能し、複数の表現型を同時に制御することにより、複合的な形質が進化するメカニズム：嶋田班(計画)では、カイコの食草転換遺伝子*Bmacj6*が幼虫の摂食行動だけでなく、成虫の行動も制御する多機能遺伝子であることを解明した(Fujii et al. 2011 PNAS)。 *Bmacj6* 遺伝子の変化で、幼虫と親の行動がともに変化する可能性が高くなった。

(2) ある生命過程で用いられていた多分岐結節点遺伝子が、別な場所や時期に発現することにより、遺伝子ネットワークが流用され、新しい複合適応形質が進化するメカニズム：カメの背甲は他の羊膜類の発生の基本型から逸脱しており、発生遺伝子発現プロファイルも大きく異なるのではないかと考えられてきた。しかし、倉谷班(計画)の研究から、器官形成期には他の脊椎動物と同様な遺伝子発現プロファイル(Irie and Kuratani 2011 Nature Communications)を持つことが明らかになった。このことから、カメの背甲進化にあたっては、大きな遺伝子ネットワークの変化を伴わないような進化がおこったことがわかった。一方で、スッポンの発生初期過程において別な発生過程で用いられていたWnt5a発現とその制御遺伝子系を流用することにより、既存の遺伝子発現プロファイルを大きく変化させずに、甲陵というカメ独特の胚構造が獲得され、その後の背甲という大きな形態変化へと繋がったのではないかとということがわかり、Wnt5aシグナル系の異所的異時的獲得が背甲進化へと繋がった可能性が示唆されている。

根粒は根の皮層細胞の分裂により形成され、窒素固定バクテリアを細胞内に取り込み大気中の窒素を固定する。川口班(計画)では根粒形成の自己制御に関わるHAR1受容体遺伝子やCLEペプチド遺伝子を特定したところ、他のモデル植物の茎頂分裂組織維持に機能する遺伝子のホモログであったことから、植物の茎頂分裂組織形成遺伝子ネットワークが根粒形成に流用されたのではないかと仮説をたてていた。これまでの研究で、新たにKLAVIERとCLV2の2つの受容体と、carboxypeptidaseをコードするTORICOT遺伝子が根粒形成の制御に必要であることがわかった

(Miyazawa et al. 2010 Development)。これらの遺伝子は、HAR1やCELと同様に他のモデル植物で茎頂分裂組織の形成・維持に機能することが知られており、流用仮説の妥当性が支持された。

藤原班(計画)では、アゲハ幼虫の擬態紋様形成にエクジソンシグナル系やWntシグナル系が関与していることを明らかにし(Futahashi et al. 2012 BMC Biol.)、とりわけ、Wntシグナル系については、多分岐結節遺伝子である*Wnt1*遺伝子が新規シス配列を獲得したことにより流用されたらしいことを明らかにした。また、脊椎動物の付属肢形成について(黒岩班:公募)、哺乳類で同定したFgf10のエンハンサーを介した遺伝子ネットワークが、祖先的魚類、魚類、両生類や哺乳類などの四肢類においてどのように変化しているかについての研究が予定通り進んでいる。

(3) ゲノム内に大量に転移したSINE由来の配列がエンハンサー能を獲得することで、これらをトランスに制御する因子をコードする遺伝子が新規多分岐結節点遺伝子となるメカニズム: 複数の遺伝子が短い期間に同一のシスエレメントを獲得することにより、新しい多分岐結節遺伝子を生み出す可能性があることがわかってきた。同一配列のコピーであったレトロトランスポゾンSINE由来の配列の一部が哺乳類の共通祖先においてエンハンサー機能を獲得し、これら複数の新規エンハンサーに同一の転写因子が結合することで発現制御機構のリモデリングが起こり、哺乳類進化に重要な寄与を果たした可能性が示唆されている。岡田班(公募)のこれまでの研究から、哺乳類特異的に保存された全SINE配列を対象とした転写因子の結合モチーフ解析をおこない、複数のSINE由来領域に同一の転写因子が結合する可能性が示された(Tashiro et al. 2011 PLoS ONE)。このことは、SINEを介した大規模な発現制御メカニズムの改変が哺乳類の祖先で起こった可能性を示唆するものである。今後は具体的な転写因子を対象としたChIP解析をおこない、SINEが関与した哺乳類の形態進化メカニズムを検証する予定である。

(4) DNAやヒストンの修飾などのエピジェネティックな遺伝子制御を司る遺伝子が多分岐結節点遺伝子として機能し、多数の遺伝子発現を同時に変化させるメカニズム: 古澤班(公募)では、大腸菌をエタノール培地で1000世代培養することにより、エタノール耐性株を4株進化させることに成功した。ところが、これらの変異体では、ゲノムの突然変異位置が共通していないとともに、これらの変異がエタノール耐性に関係無いことがわかった。従って、エタノール耐性という代謝系を複合的に変化させるような適応進化が、エピジェネティックな変異によって引き起こされた可能性があることがわかってきた。今後、総括班ゲノム支援に導入したPacBio RSシーケンサーなどを用いたゲノムワイドなメチル化解析などを通して、エピジェネティックな変化によって複合適応形質が進化するかを解明できる可能性がある。

(5) 多分岐結節点遺伝子の変化に伴う大きな遺伝子ネットワーク組換え進化以外によって複合適応形質が進化するメカニズム:

(5-1) 多分岐結節点遺伝子であるかに関わらず、遺伝子ネットワーク構造の一つの「繋がり」を変更することで、ネットワーク全体の性質を大きく変化させるメカニズム: ネットワーク理論では、ネットワークの特定の繋がりを変更することで、ネットワーク全体の構造を大きく変更できることが知られている(瀬々さん、正しいですか?)。瀬々班(公募)で、近縁種間でのネットワーク比較を行い、ネットワーク変化と複合適応形質進化の関係を解明する研究を行っている。具体的には、ネットワーク解析技術であるCOINを発展させ、種間遺伝子ネットワーク比較を行うANGIE法を開発し(Terada and Sese 2012 BICoB)、比較発現データの蓄積があるショウジョウバエ属においてネットワーク変化と複合適応形質変化の対応についての研究が進行中である。また、さらなる解析プログラムの開発を行い、本領域における複合適応形質制御遺伝子ネットワークの進化解明に用いることが可能なフレームワーク形成を目指している。

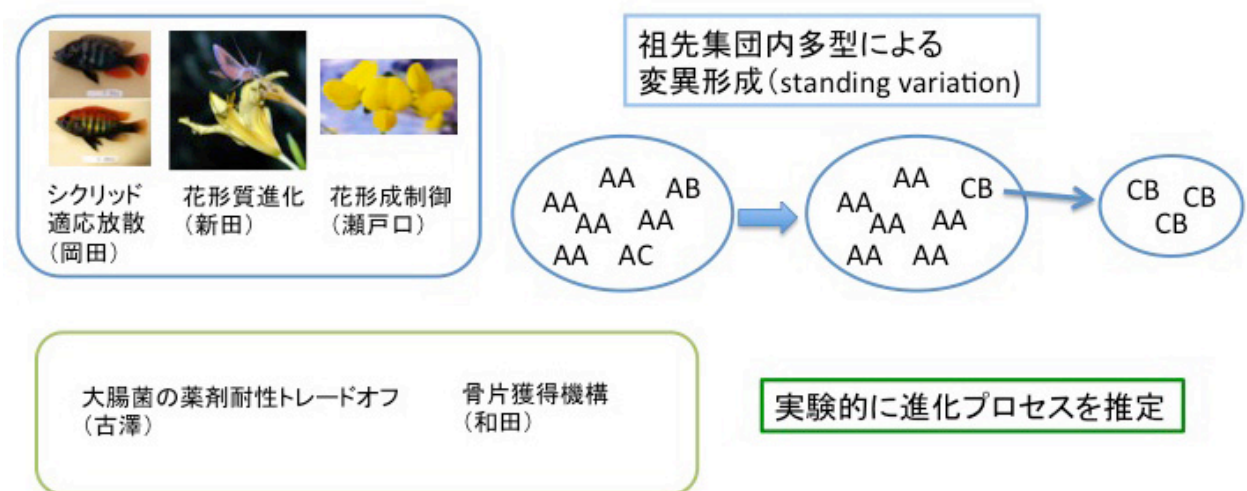
(5-2) 多分岐結節点遺伝子であるかに関わらず、遺伝子の相互作用を定量的に変化させることで、ネットワーク構造自体を変化させず、表現型に定性的な大きな変化を生じさせるメカニズム: 川口班(計画)において、茎頂分裂組織における遺伝子ネットワークのコアとなるWUSCHEL転写因子とCLAVATA3ペプチドシグナルの相互作用による形態形成様式をモデル化し、相互作用変数を変えることによって、多様な茎頂分裂組織形態を産み出すとともに、根粒形態をも産み出さう可能性があることを明らかにした(Fujita et al. 2011 PLoS One)。

(5-3) 多分岐結節点遺伝子であるかに関わらず、発生過程において細胞間や器官間の空間的相互作用を変化させるような遺伝子が進化することによって、新規形態が進化するメカニズム: 長谷部班(計画)では、永続性茎頂分裂組織の獲得によって組織が大きくなると新たなオーキシン分布パターンが形成され、それが分岐に繋がるのではないかという仮説のもと、オーキシン輸送因子、合成因子の可視化に成功し研究を進めている。この過程で、関連遺伝子を網羅するため、陸上植物での発生遺伝子の比較解析を行った(Banks et al. 2011 Science)。和田班(公募)では、脊椎動物咽頭弓の進化過程において、内胚葉と外胚葉の協調的な発生が必要であったが、異なった胚葉がレチノイン酸によって同時に制御されている可能性が高いことから、レチノイン酸の各胚葉における作用機作を調べる実験系が確立しつつある段階である。

4. 複合適応形質を担う遺伝子ネットワークの構築（進化）プロセスの研究

実際の進化の過程でどのように複合適応形質に関わる遺伝子が集団中に固定してきたのかという進化プロセスについて研究を進めている。これまでの研究から、祖先集団内多型standing variationが、交配によって集団内に固定していくプロセスがある可能性が高いことがわかった。また、実験的に進化プロセスを解明する研究も行っている。

研究4: 遺伝子ネットワーク進化プロセス (どのような道筋で変わったか)



(1) 祖先集団内多型standing variationが、交配によって集団内に固定していくプロセス：複合適応形質は、複合的であるがゆえ、複数の主要遺伝子作用によって形成されている場合が多いと考えられる。しかしながら、これらの主要遺伝子の突然変異が、独立に何回も生じる確率はきわめて低い。また、複合適応形質が複数の集団や近縁種で平行的に進化している場合が知られている。この場合、仮に主要遺伝子の突然変異が複数の系統で起きても、これらが固定して、協調的にはたらく適応形質セットが独立に進化する可能性は極めて低いはずである。本領域では、アフリカのいくつかの湖で平行的に複合適応形質(唇の大きさ)進化をおこしているシクリッド(岡田班:公募)、昼咲きでアゲハ蝶媒花のハマカンゾウから平行的に複数回進化した夜咲きで蛾媒花のキスゲ(新田班:公募)、緯度に応じて花形成時期を平行的に進化させているマメ科植物(瀬戸口班:公募)でこの問題に取り組んでいる。異なった生物ではあるが、ともに、共通のプロセスで進化したのではないかという作業仮説をたてている。すなわち、異なった祖先集団内で複合適応形質に関わる責任遺伝子の突然変異が全ておこっていた。しかし、突然変異によって生じた責任遺伝子は別々の集団にあるので、複合適応形質を作り出すことはできない。ところが、異なった祖先集団が、地史的な理由などにより交雑すると、両祖先集団の遺伝子が混ざり合うことになり、複合適応形質を作り出すような組み合わせの責任遺伝子を持った個体が生まれうるのではないかという仮説である。

シクリッドはアフリカの異なった湖間で適応放散と平行進化が著しく、この仮説を検証するために適した材料である。岡田班(公募)では、異なる湖間で共有された祖先多型の有無やその程度を評価する研究を行っている(Yoshida et al. 2011 PLoS Genet, Ota et al. 2012 Gene)。そのために、これまで、東アフリカ産シクリッド7種(ビクトリア湖2種、マラウィー湖2種、タン

ガニィカ湖3種)の全ゲノム概要配列決定を行った。現在、既存のシクリッド全ゲノム配列(3種)にマッピングすることによって、集団遺伝学的に祖先多型の推定と分集団化プロセスの推定を行っている。

花と媒介昆虫との関係は、開花時間・花色・花香が複合的に変化することによって進化する。ハマカンゾウとキスゲは、前者が昼行性のアゲハチョウ、後者が夜行性の蛾の活動時間・視覚・嗅覚に適応して、開花時間・花色・花香を協調的に進化させてきたと考えられている。新田班(公募)では、これまでに、総括班ゲノム支援との共同研究により、ハマカンゾウとキスゲのF2交雑集団を作り、表現型と遺伝子発現パターンに高い相関のある遺伝子を探索している。

植物の生殖器官である花の形成時期は、光周期や温度、内生ホルモン量などによって複合的に制御されていることがモデル植物の研究において明らかになっている。しかし、実際の進化過程で花の形成時期が変化するにあたり、どれか単独の遺伝子ネットワークが変化したのか、あるいは、いくつかの遺伝子ネットワークが協調的に変化したのかは、未解明であり、花形成時期進化メカニズムはよくわかっていない。瀬戸口班(公募)では、光受容体、概日時計機構、その他花成誘導に関連する遺伝子が、異なった花形成時期を持つマメ科植物のミヤコグサ、ツルマメ、ダイズの集団間でどのように変化しているかを、ゲノム概要配列を通じたゲノム比較から解析している。これまでの総括班ゲノム支援との共同研究から、複数種類の遺伝子に多型が存在していることがわかってきた。今後、これらの遺伝子がどのように花形成時期に寄与しているかの研究を行う予定である。その結果から、祖先集団で個々の遺伝子にあった多型が、どのように集団中に固定し新しい複合形質(花形成時期)の進化に繋がったのかを推定できると期待される。

(2) 実験的に進化プロセスを調べるための研究

和田班(公募)では、棘皮動物におけるプルテウス幼生の骨片獲得機構においてAlxとVEGFシグナリングの両方が関与しているので、骨をもたないヒトデ幼生において、mRNAの注入により、どちらかを強制的に発現ことによって進化の中間段階を人工的に作り出し、どのような中間段階を経て進化したかを推定しようとしている。

古澤班(公募)では、大腸菌のある薬剤Aに対する耐性株が、継代培養の過程で、別の薬剤Bへの耐性能をどのように変化させるかを様々な組み合わせで解析したところ、薬剤Aの耐性株が薬剤Bについては感受性になるといったトレードオフの関係を持つ薬剤が複数確認されることを明らかにした。この場合、トレードオフの関係にある薬剤Aと薬剤Bを同時に添加したとき、薬剤Aに対して耐性になる過程では一方の薬剤Bへの感受性が増加し、一時的に適応度が減少する可能性がある。このことから、これらの耐性能進化は複合適応形質進化に対応すると考えることができ、複合適応形質進化の良いモデル系になると期待される。現在、遺伝子発現変動などから、進化過程の推定を行っている。

5. 研究成果の公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開発表等）

（１）主要論文一覧（*：corresponding author；一重下線：分担者；二重下線：代表者）

計画班：（代表）長谷部光泰

（１）*Banks, J.A., Nishiyama, T., Hasebe, M., Bowman, J.L., Gribskov, M., dePamphilis, C., Albert, V.A., Aono, N., Aoyama, T., Ambrose, B.A., *et al.* (2011) The Selaginella genome identifies genetic changes associated with the evolution of vascular plants. **Science** 332, 960-963.

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

（３）Ohshima, I., Tanikawa-Dodo, Y., Saigusa, T., Nishiyama, T., Kitani, M., *Hasebe, M. and Mohri, H. (2010) Phylogeny, biogeography, and host-plant association in the subfamily Apaturinae (Insecta: Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from eight nuclear and seven mitochondrial genes. **Mol. Phylogenet. Evol.** 57, 1026-1036.

計画班：（代表）倉谷滋

（１）*Kuratani, S., Adachi, N., Wada, N., Oisi, Y. and Sugahara, F. (2012) Developmental and evolutionary significance of the mandibular arch and prechordal/premandibular cranium in vertebrates: revising the heterotopy scenario of gnathostome jaw evolution. **J. Anat.** (in press)

（２）Adachi, N. and *Kuratani, S. (2012) Development of head and trunk mesoderm in the dogfish, *Scyliorhinus torazame*: I. embryology and morphology of the head cavities and related structures. **Evol. Dev.** 14, 234-256.

（３）Adachi, N., Takechi, M., Hirai, T. and *Kuratani, S. (2012) Development of head and trunk mesoderm in the dogfish, *Scyliorhinus torazame*: II. Comparison of gene expression between the head mesoderm and somites with reference to the origin of the vertebrate head. **Evol. Dev.** 14, 257-276.

（４）*Kuratani, S. (2012) Evolution of the vertebrate jaw from developmental perspectives. **Evol. Dev.** 14, 176-92.

（５）*Ota, G. K., Fujimoto, S., Oisi, Y., and Kuratani, S. (2011) Identification of vertebra-like elements and their possible differentiation from sclerotomes in the hagfish. **Nature Commun.** 28, 373.

（６）*Wada, N., Nohno, T., Kuratani, S. (2011) Dual origins of the prechordal cranium in the chicken embryo. **Dev. Biol.** 356, 529-540.

（７）Nagashima, H., Kuraku, S., Uchida, K., Ohya, K. Y., Narita, Y., *Kuratani, S. (2011) Body plan of turtles: an anatomical, developmental and evolutionary perspective. **Anat. Sci. Int.** 87, 1-13.

（８）*Kuraku, S. and Kuratani, S. (2011) Genome-wide detection of gene extinction in early mammalian evolution. **Genome Biol. Evol.** 359, 1449-1462.

（９）*Onimaru, K., Shoguchi, E., *Kuratani, S. and *Tanaka, M. (2011) Development and evolution of the lateral plate mesoderm: Comparative analysis of amphioxus and lamprey with implications for the acquisition of paired fins. **Dev. Biol.** 359, 124-136.

（１０）Takechi, M., Takeuchi, M., Ota, G. K., Nishimura, O., Mochii, M., Itomi, K., Adachi, N., Takahashi, M., Fujimoto, S., Tarui, H., Okabe, M., Aizawa, S., and *Kuratani, S. (2011) Overview of the transcriptome profiles identified in hagfish, shark, and bichir: current issues arising from some nonmodel vertebrate taxa. **J. Exp. Zool. (Mol. Dev. Evol.)** 314B, 526-546.

（１１）*Irie, N., and Kuratani, S. (2011) Comparative transcriptome analysis reveals vertebrate phylotypic period during organogenesis. **Nature Commun.** 2, 248.

（１２）Kawashima-Ohya, Y., Narita, Y., Nagashima, H. and Usuda, R., *Kuratani, S. (2011) Hepatocyte growth factor is crucial for development of the carapace in turtles. **Evol. Dev.** 13, 260-268.

（１３）Yao, T., Ohtani, K., Kuratani, S. and *Wada, H. (2011) Development of lamprey mucocartilage and its dorsal-ventral patterning by endothelin signaling, with insight into vertebrate jaw evolution. **J. Exp. Zool. (Mol. Dev. Evol.)** 314B, 339-346.

（１４）Sugahara, F., Aota, S., Kuraku, S., Murakami, Y., Takio-Ogawa, Y., Hirano, S. and *Kuratani, S. (2011)

Involvement of the Hedgehog and FGF Signalling in the Lamprey telencephalon: Evolution of regionalization and D-V patterning of the vertebrate forebrain. **Development** 13, 1217-1226.

(1 5) *Kusakabe, R. Kuraku, S. and Kuratani, S. (2011) Expression and interaction of muscle-related genes in the lamprey imply the evolutionary scenario for vertebrate skeletal muscle, in association with the acquisition of the neck and fins. **Dev. Biol.** 350, 217-227.

(1 6) *Kuratani, S., Kuraku, S. and Nagashima, H. (2011) Evolutionary developmental perspective for the origin of the turtles: the folding theory for the shell based on the developmental nature of the carapacial ridge. **Evol. Dev.** 13, 1-14.

(1 7) *Takechi, M. and Kuratani, S. (2010) History of studies on mammalian middle ear evolution: A comparative morphological and developmental biology perspective. **J. Exp. Zool. (Mol. Dev. Evol.)** 314B, 417-433.

(1 8) *Kuraku, S., Takio, Y., Sugahara, F., Takechi, M. and Kuratani, S. (2010) Evolution of oropharyngeal patterning mechanisms involving Dlx and endothelins in vertebrates. **Dev. Biol.** 341, 315-323.

(1 9) Kokubo, N., Matsuura, M., Onimaru, K., Tiecke, E., Kuraku, S., Kuratani, S. and *Tanaka, M. (2010) Mechanisms of heart development in the Japanese lamprey, *Lethenteron japonicum*. **Evol. Dev.** 12, 34-44.

計画班：(代表) 嶋田透

(1) Fujii, T., Abe, H., Katsuma, S. and *Shimada, T. (2011) Identification and characterization of the fusion transcript, composed of the *apterous* homolog and a putative protein phosphatase gene, generated by 1.5-Mb interstitial deletion in the vestigial (*Vg*) mutant of *Bombyx mori*. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 41, 306-312.

(2) Fujii, T., Ito, K., Tatematsu M., Shimada, T., Katsuma, S. and *Ishikawa, Y. (2011) Sex pheromone desaturase functioning in a primitive *Ostrinia* moth is cryptically conserved in congeners' genomes. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 108, 7102-7106.

(3) Kiuchi, T., Banno, Y., Katsuma, S. and *Shimada, T. (2011) Mutations in an amino acid transporter gene are responsible for sex-linked translucent larval skin of the silkworm, *Bombyx mori*. **Insect Biochem. Mol. Biol.** 41, 680-687.

(4) Fujii, T., Fujii, T., Namiki, S., Abe, H., Sakurai, T., Ohnuma, A., Kanzaki, R., Katsuma, S., Ishikawa, Y. and *Shimada, T. (2011) Sex-linked transcription factor involved in a shift of sex pheromone preference in the silkworm, *Bombyx mori*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 108, 18038-18043.

(5) *Fujii, T., Abe, H., Yamamoto, K., Katsuma, S. and Shimada, T. (2011) Interspecies linkage analysis of *mo*, a *Bombyx mori* locus associated with mosaicism and gynandromorphism. **Genetica** 139, 1323-1329.

(6) *Daimon, T., Fujii, T., Yago, M., Yu-Feng H., Nakajima, Y., Fujii, T., Katsuma, S., Ishikawa, Y. and Shimada, T. (2012) Female sex pheromone and male behavioral responses of the bombycid moth *Trilochoa varians*: comparison with those of the domesticated silkworm *Bombyx mori*. **Naturwissenschaften** 99, 207-215.

計画班：(代表) 藤原晴彦

(1) Shirataki, H. Futahashi, R. and *Fujiwara, H. (2010) Species-specific coordinated gene expression and *trans*-regulation of larval color pattern in three swallowtail butterflies. **Evol. Dev.** 12, 305-314.

(2) Futahashi, R., Banno Y. and *Fujiwara, H. (2010) Caterpillar color patterns are determined by a two-phase melanin gene pre-patterning process: new evidence from *tan* and *laccase2*. **Evol. Dev.** 12, 157-167.

(3) Mitchell, M., Gillis, A., Futahashi, M., Fujiwara, H. and *Skordalakes, E. (2010) Structural basis for telomerase catalytic subunit TERT binding to RNA template and telomeric DNA. **Nat. Struct. Mol. Biol.** 17, 513-518.

(4) Yoshitake, K., Aoyagi, H. and *Fujiwara, H. (2010) Creation of a novel telomere-cutting endonuclease based on the EN domain of telomere-specific non-LTR retrotransposon, **TRAS1**. **Mob. DNA** 1, 13. (online journal)

(5) Schumann, G. G., Elena V. Gogvadze E. V., Osanai-Futahashi, M., Kuroki, A., Münk, C., Fujiwara, H., Ivics, Z. and *Buzdin, A. (2010) Unique functions of repetitive transcriptome. **Int. Rev. Cell Mol. Biol. (Former Int. Rev. Cytol.)** 285, 115-188.

(6) Olle Terenius et al. (72 authors, 21st Fujiwara, H.) (2011) RNA interference in Lepidoptera: an overview of

successful and unsuccessful studies and implications for experimental design. **J. Insect Physiol.** 57, 231-245.

(7) Osanai-Futahashi, M. and *Fujiwara, H. (2011) Coevolution of telomeric repeats and telomeric-repeat-specific non-LTR retrotransposons in insects. **Mol. Biol. Evol.** 28, 2983-2986.

(8) Yamaguchi, J. Mizoguchi, T. and *Fujiwara, H. (2011) siRNAs induce efficient RNAi response in *Bombyx mori* embryos. **PLoS One** 6, e25469.

(9) Ando, T., Kojima, T. and *Fujiwara, H. (2011) Dramatic changes in patterning gene expression during metamorphosis are associated with the formation of a feather-like antenna by the silk moth, *Bombyx mori*. **Dev. Biol.** 357, 53-63.

(1 0) Futahashi R., Shirataki, H., Narita, T., Mitak, K. and *Fujiwara, H. (2012) Comprehensive microarray-based analysis for stage-specific larval camouflage pattern-associated genes in the swallowtail butterfly, *Papilio xuthus*. **BMC Biol.** 10, e46.

計画班 : (代表) 川口正代司

(1) Betsuyaku, S., Nakazono, M., Tabata, S., Harada, K., Sawa, S., Fukuda, H. and *Kawaguchi, M. (2010) A receptor-like kinase, KLAVER, mediates systemic regulation of nodulation and non-symbiotic shoot development in *Lotus japonicus*. **Development** 137, 4317-4325.

(2) Yoshida, C., Funayama-Noguchi, S. and *Kawaguchi, M. (2010) *plenty*, a novel hypernodulation mutant in *Lotus japonicus*. **Plant Cell Physiol.** 51, 1425-1435

(3) *Kouchi, H., Imaizumi-Anraku, H., Hayashi, M., Hakoyama, T., Nakagawa, T., Umehara, Y., Suganuma, N. and Kawaguchi, M. (2010) How many peas in a pod? Legume genes responsible for mutualistic symbioses underground. **Plant Cell Physiol.** 51, 1381-1397.

(4) Groth, M., Takeda, N., Perry, J., Uchida, H., Dräxl, S., Sato, S., Tabata, S., Kawaguchi, M., Wang, T. L. and *Parniske, M. (2010) NENA a *Lotus japonicus* homolog of Sec13, is required for rhizodermal infection by arbuscularmycorrhiza fungi and rhizobia but dispensable for cortical endosymbiotic development. **Plant Cell** 22, 2509-2526.

(5) *Fujita, H., Toyokura, K., Okada, K. and Kawaguchi, M. (2011) Reaction-diffusion pattern in shoot apical meristem of plants. **PLoS One** 6, e18243.

(6) *Fujita, H. and Kawaguchi, M. (2011) Strategy for shoot meristem proliferation in plants. **Plant Signal. Behav.** 6, 1851-1854.

(7) *Okamoto, S., Nakagawa, T. and Kawaguchi, M. (2011) Expression and functional analysis of a *CLV3*-like gene in the model legume *Lotus japonicus*. **Plant Cell Physiol.** 52 1211-1221.

(8) *Kawaguchi, M. (2011) The evolution of symbiotic systems. **Cell. Mol. Life Sci.** 68, 1283-1284.

(9) Krusell, L., Sato, N., Fukuhara, I., Koch, B., Grossmann, C., Okamoto, S., Oka-Kira, E., Otsubo, Y., Aubert, G., Nakagawa, T., Sato, S., Tabata, S., Duc, G., Parniske, M., Wang, T. L., Kawaguchi, M. and *Stougaard, J. (2011) The *Clavata2* genes of pea and *Lotus japonicus* affect autoregulation of nodulation. **Plant J.** 65, 861-871.

(1 0) Chen, J., Moreau, C., Liu, Y., Kawaguchi, M., Hofer, J., Ellis, N. and *Chen, R. (2012) Conserved genetic determinant of motor organ identity in *Medicago truncatula* and related legumes. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** in press.

計画班 : (代表) 深津武馬

(1) *Tsuchida, T., Koga, R., Horikawa, M., Tsunoda, T., Maoka, T., Matsumoto, S., Simon, J. C. and *Fukatsu, T. (2010) Symbiotic bacterium modifies aphid body color. **Science** 330, 1102-1104.

(2) *Futahashi, R., Kurita, R., Mano, H. and Fukatsu, T. (2012) Redox alters yellow dragonflies into red. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** in press.

計画班 : (代表) 西山智明

(1) *Banks, J. A., Nishiyama, T., Hasebe, M., Bowman, J. L., Gribskov, M., dePamphilis, C., Albert, V. A., Aono, N., Aoyama, T., Ambrose, B. A. et al. (2011) The Selaginella genome identifies genetic changes associated with the evolution of vascular plants. **Science** 332, 960-963.

(2) *Kadota, K., Nishiyama, T. and Shimizu, K. (2012) A normalization strategy for comparing tag count data.

Algorithms Mol. Biol. 7, 5.

(3) *Kadota, K. and Shimizu, K. (2011) Evaluating methods for ranking differentially expressed genes applied to microArray quality control data. **BMC Bioinformatics** 12, 227.

(4) *Nishiyama, T., Miyawaki, K., Ohshima, M., Thompson, K., Nagashima, A., *Hasebe, M. and *Kurata, T. (2012) Digital Gene Expression Profiling by 5'-End Sequencing of cDNAs during Reprogramming in the Moss *Physcomitrella patens*. **PLoS One** 7, e36471.

(5) *Shigenobu, S. and Wilson, A. C. (2011) Genomic revelations of a mutualism: the pea aphid and its obligate bacterial symbiont. **Cell Mol. Life Sci.** 68, 1297-1309.

(6) Gallot, A., Shigenobu, S., Hashiyama, T., Jaubert-Possamai, S. and *Tagu, D. (2012) Sexual and asexual oogenesis require the expression of unique and shared sets of genes in the insect *Acyrtosiphon pisum*. **BMC Genomics** 13, 76.

(7) Ishikawa, M., Murata, T., Sato, Y., Nishiyama, T., Hiwatashi, Y., Imai, A., Kimura, M., Sugimoto, N., Akita, A., Oguri, Y. et al. (2011) *Physcomitrella* cyclin-dependent kinase A links cell cycle reactivation to other cellular changes during reprogramming of leaf cells. **Plant Cell** 23, 2924-2938.

(8) Price, D. R., Duncan, R. P., Shigenobu, S. and *Wilson, A. C. (2011) Genome expansion and differential expression of amino acid transporters at the aphid/*Buchnera* symbiotic interface. **Mol. Biol. Evol.** 28, 3113-3126.

公募班：(代表) 牧野 能士

(1) *Kitano, J., Kawagishi, Y., Mori, S., Peichel, C. L., Makino, T., Kawata, M. and Kusakabe, M. (2011) Divergence in Sex Steroid Hormone Signaling between Sympatric Species of Japanese Threespine Stickleback. **Plos One** 6, e29253.

(2) Tezuka, A., Matsushima, N., Nemoto, Y., Akashi, H. D., Kawata, M. and *Makino, T. (2012) Comprehensive Primer Design for Analysis of Population Genetics in Non-Sequenced Organisms. **Plos One** 7, e32314.

(3) Pessia, E., Makino, T., Bailly-Bechet, M., McLysaght, A. and *Marais, G. A. B. (2012) Mammalian X Chromosome Inactivation evolved as a dosage compensation mechanism for dosage-sensitive genes on the X chromosome. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 109, 5348- 5351.

(4) Satake, M., Kawata, M., McLysaght, A. and *Makino, T. (2012) Evolution of vertebrate tissues driven by differential modes of gene duplication. **DNA Res.** in press

(5) *Makino, T. and *Kawata, M. (2012) Habitat variability correlates with duplicate content of *Drosophila* genomes. **Mol. Biol. Evol.**, in press

公募班：(代表) 和田洋

(1) Yao, T., Ohtani, K., Kuratani, S. and *Wada, H. (2011) Development of lamprey mucocartilage and its dorsal-ventral patterning by endothelin signaling, with insight into vertebrate jaw evolution. **J. Exp. Zool. B** 316, 339-346.

(2) Kaneto, S. and **Wada, H. (2011) Regeneration of amphioxus oral cirri and its skeletal rods: implications for the origin of the vertebrate skeleton. **J. Exp. Zool. B** 316, 409-417.

(3) *Kurita, Y. and Wada, H. (2011) Evidence that gastropod torsion is driven by asymmetric cell proliferation activated by TGF- β signaling. **Biol. Lett.** 7, 759-762.

(4) Ito, A., Aoki, M. N., Yahata, K. and *Wada, H. (2011) Complicated evolution of the Caprellid (Crustacea: Malacostraca: Peracarida: Amphipoda) bodyplan, reacquisition or multiple losses of the thoracic limbs and pleons. **Dev. Genes Evol.** 221, 133-140.

(5) Ito, A., Aoki, M. N., Yahata, K. and *Wada, H. (2011) The embryonic development and expression analysis of *Distal-less* in *Caprella scaura* (Crustacea, Amphipoda, Caprellidea). **Biol. Bull.** 221, 206-214.

(6) Hashimoto, N., Kurita, Y. and *Wada, H. (2012) Developmental role of *dpp* in the gastropod shell plate and co-option of the *dpp* signaling pathway in the evolution of the operculum. **Dev. Biol.** 366, 367-373.

公募班：(代表) 岡田典弘

1) Yoshida, K., Terai, Y., Mizoiri, S., Aibara, M., Nishihara, H., Watanabe, M., Kuroiwa, A., Hirai, H., Hirai, Y., Matsuda, Y. and Okada N. (2011) B chromosomes have a functional effect on female sex determination in lake

victoria cichlid fishes. **PLoS Genet.** 7, e1002203.

2) Tashiro, K., Teissier, A., Kobayashi, N., Nakanishi, A., Sasaki, T., Yan, K., Tarabykin, V., Vigier, L., Sumiyama, K., Hirakawa, M., Nishihara, H., Pierani, A. and Okada, N. (2011) A Mammalian Conserved Element Derived from SINE Displays Enhancer Properties Recapitulating Satb2 Expression in Early-Born Callosal Projection Neurons.

PLoS One 6, e28497.

3) Ota, T., Nikaido, M., Suzuki, H., Hagino-Yamagishi, K. and Okada, N. (2012) Characterization of VIR receptor (ora) genes in Lake Victoria cichlids. **Gene** 499, 273-279.

公募班：(代表) 瀬々 潤

(1) Terada, A. and Sese, J. (2012) Global Alignment of Protein-Protein Interaction Networks for Analyzing Evolutionary Changes of Network Frameworks. **BICoB-2012**, 196-201.

公募班：(代表) 曾田 貞滋

*Ikeda, H., Nishikawa, M. and Sota, T. (2012) Loss of flight promotes beetle diversification. *Nature Comm.* 3, 648

Kitamura, J., Nagata, N., Nakajima, J. and *Sota, T. (2012) Divergence of ovipositor length and egg shape in a brood parasitic bitterling fish through the use of different mussel hosts. **J. Evol. Biol.** 25, 566-573.

*Ikeda, H., Tsuchiya, Y., Nagata, N. and Sota, T. (2012) Altitudinal life-cycle and body-size variation in ground beetles of the genus *Carabus* (subgenus *Ohomopterus*) in relation to the temperature conditions and prey earthworms. **Pedobiol.** 55, 67-73.

*Yamamoto, S. and Sota, T. (2012) Parallel allochronic divergence in a winter moth due to disruption of reproductive period by winter harshness. **Mol. Ecol.** 21, 174-183.

*Tsuji, K. and Sota, T. (2011) Geographic variation in oviposition preference for male and female host plants in a geometrid moth: implications for evolution of host choice. **Entomol. Exp. Appl.** 141, 178-184.

*Satoh, A., Yamamoto, S., Hayaishi, S. and Sota, T. (2011) Characterization of six microsatellite loci in the mangrove cricket *Apteronomobius asahinai*. **Entomol. Sci.** 15, 133-136.

*Ikeda, H. and Sota, T. (2011) Macroscale evolutionary patterns of flight muscle dimorphism in the carrion beetle *Necrophila japonica*. **Ecol. Evol.** 1, 97-105.

Nariai, Y., Hayashi, S., Morita, S., Umemura, Y., Tainaka, K., Sota, T., Cooley, J. R. and *Yoshimura, J. (2011) Life cycle replacement by gene introduction under an Allee effect in periodical cicadas. **PLoS One** 6, e18347.

*Toju, H., Ueno, S., Taniguchi, F., and Sota, T. (2011) Meta population structure of a seed-predator weevil and its host plant in arms race coevolution. **Evolution** 65, 1707-1722.

*Toju, H., Harue, A., Ueno, S., Miyazawa, Y., Taniguchi, F., Sota, T. and Yahara, T. (2011) Climatic gradients of arms race coevolution. **Am. Nat.** 177, 562-573.

*Sota, T., Liang, H., Enokido, Y. and Hori, M. (2011) Phylogeny and divergence time of island tiger beetles of the genus *Cylindera* (Coleoptera, Cicindelidae) in East Asia. **Biol. J. Linn. Soc.** 102, 715-727.

*Konuma, J., Nagata, N. and Sota, T. (2011) Factors determining the direction of ecological specialization in snail-feeding carabid beetles. **Evolution** 65, 408-418.

公募班：(代表) 瀬戸口 浩彰

*Mitsui, Y., Nomura, N., Isagi, Y., Tobe, H. and Setoguchi, H. (2011) Speciation by ecologically-based reproductive isolation in plant species under contrasting streamside and forest understory environments. **Evolution** 65, 335-349.

Sugahara, K., Kaneko, Y., et al. and *Setoguchi, H. (2011) Phylogeography of Japanese horse chestnut (*Aesculus turbinata*) in the Japanese archipelago based on chloroplast DNA haplotypes. **J. Plant Res.** 124, 75-83.

Nishimura, M. and *Setoguchi, H. (2011) Homogeneous genetic structure and variation of tree architecture of *Larix kaempferi* along altitudinal gradients on Mt. Fuji. **J. Plant Res.** 124, 253-263.

*Ikeda, H., Fujii, N. and Setoguchi, H. (2011) Molecular evolution of cryptochrome genes and the evolutionary manner of photoreceptor genes in *Cardamine nipponica* (Brassicaceae). **J. Plant Res.** 124, 85-92.

Noda, A., Mitsui, Y., Ikeda, H. and *Setoguchi, H. (2011) Long-term isolation of coastal plant *Calystegia soldanella* in an ancient lake Biwa, Japan. **Biol. J. Linnean Soc.** 102, 51-66.

- *Setoguchi, H., Mitsui, Y., Ikeda, H., Nomura, N. and Tamura, A. (2011) Genetic structure of the critically endangered plant *Tricyrtis ishiiiana* (Convallariaceae) in relict populations of Japan. **Conserv. Genet.** 12, 491-501.
- *Ohtsuki, T., Kaneko, Y. and Setoguchi, H. (2011) Isolated history of the coastal plant *Lathyrus japonicus* (Leguminosae) in Lake Biwa, an ancient freshwater lake. **AOB Plants.** plr021.
- *Ohtsuki, T., Kaneko, Y., Mitsui, Y. and Setoguchi, H. (2011) Isolation and characterisation of microsatellite loci in the beach pea, *Lathyrus japonicus*. **Amer. J. Bot.** e375-e377.
- *Higashi, H., Ikeda, H. and Setoguchi, H. (2012) Population fragmentation caused randomly fixed genotype in each population of *Arabidopsis kamchatica* in the Japanese archipelago. **J. Plant Res.** 125, 223-233.
- *Mitsui Y. and Setoguchi, H. (2012) Dynamics of taxonomic diversification in a continental island system: molecular phylogeography of *Ainsliaea* species (Asteraceae) in the Ryukyu Islands. **Plant Syst. Evol.** 298, 985-996.
- Ishibashi, N. and *Setoguchi, H. (2012) Polymorphism of DNA sequences of cryptochrome genes is not associated with the photoperiodic flowering of wild soybean along a latitudinal cline. **J. Plant Res.** (in press)
- *Ikeda, H., Carlsen, T., Fujii, N., Brochmann, C. and Setoguchi, H. (2012) Evolution of an alpine endemic plant at the arctic-alpine range periphery following Pleistocene climatic oscillations. **New Phytol.** 194, 583-594.
- Yamada, S., Okubo, S., Miyashita, H. and *Setoguchi, H. (2012) Genetic diversity of symbiotic cyanobacteria in *Cycas revoluta* (Cycadaceae). **FEMS Microbiol. Ecol.** (in press).

公募班：（代表）新田 梢

- (1) *Hirota, S. K., Nitta, K., Kim Y., Kato A., Kawakubo N., Yasumoto A. A. and Yahara T. (2012) Relative role of flower color and scent on pollinator attraction: experimental tests using F1 and F2 hybrids of daylily and nightlily. **PLoS One** (in press)

公募班：（代表）松尾 隆嗣

- (1) Harada, E., Nakagawa, J., Asano, T., Taoka, M., Sorimachi, H., Ito, Y., Aigaki, T. and *Matsuo, T. (2012) Functional evolution of duplicated odorant-binding protein genes, *Obp57d* and *Obp57e*, in *Drosophila*. **PLoS One** 7, e29710.
- (2) *Matsuo, T. (2012) Contribution of olfactory and gustatory sensations of octanoic acid in the oviposition behavior of *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae). **Appl. Entomol. Zool.** 47, 137-142.
- (3) Takahashi, K. R., Matsuo, T. and *Takano-Shimizu-Kouno, T. (2011) Two types of cis-trans compensation in the evolution of transcriptional regulation. **Proc. Nat. Acad. Sci. USA** 108, 15276-15281.

公募班：（代表）黄川田 隆洋

- (1) Cornette, R. and *Kikawada, T. (2011) The induction of anhydrobiosis in the sleeping chironomid: Current status of our knowledge. **IUBMB Life** 63, 419-429.
- (2) Furuki, T., Shimizu, T., Kikawada, T., Okuda, T. and *Sakurai, M. (2011). Salt effects on the structural and thermodynamic properties of a Group 3 LEA protein model peptide. **Biochemistry** 50, 7093-7103.

公募班：（代表）吉田 聡子

- (1) Den Herder, G., Yoshida, S., Antolín-Llovera, M., Ried, M. and *Parniske, P. (2012) *Lotus japonicus* E3 ligase SEVEN IN ABSENTIA4 destabilizes the symbiosis receptor-like kinase SYMRK and negatively regulates rhizobial infection. **Plant Cell**, in press.
- (2) Ishida, J. K., Yoshida, S., Ito, M., Namba, S. and *Shirasu, K. (2011) *Agrobacterium rhizogenes*-mediated transformation of the parasitic plant *Phtheirospermum japonicum*. **PLoS One** 6, e25802.

(2) ホームページ (<http://staff.aist.go.jp/t-fukatsu/SGJHome.html>)

領域webページで、(1) 研究領域概要、(2) 計画研究・公募研究代表者と研究計画、(3) 領域ニュースレター、(4) シンポジウムなどの広報を行っている。また、年10号程度のニュースレターを発刊し、全て領域webページから公開している。各号の内容は、各年度研究組織・研究計画・班員名簿(年1号)、ゲノム支援活動報告(年3号)、国際シンポジウム特集(年1号)、国内シンポジウム特集(年1号)、若手ワークショップ特集(年1号)、遺伝子機能解析

技術ワークショップ特集（年1号）、研究成果（年1号）である。これらに加え、プレスリリースを行った研究発表について号外をこれまでに4号発行した。

（3）領域主催の公開発表

（3-1）国内シンポジウム（3件）

1. 公開シンポジウム「複合適応形質の進化」平成22年9月17日、東京大学農学部、約100名参加
計画班、総括班員14名が講演し、16名の若手研究者がポスター発表を行った。
2. インフォマティクスオープンセミナー：最新のバイオインフォマティクス技術の領域内への
浸透と領域外への情報提供を行った。
 - 2-1. 第1回インフォマティクスオープンセミナー 2010年12月28日、金沢大医学部（金沢）、約
50名参加、次世代シーケンサーを用いた解析法を中心に4名の講演。
 - 2-2. 第2回インフォマティクスオープンセミナー 2011年7月4日、岡崎コンファレンスセンター
（岡崎）、約100名参加、次世代シーケンサーを用いた解析法、実験法を中心に4名の講演。

（3-2）国際シンポジウム（4件）

1. 「Molecular Bases for Evolution of Complex traits」2011年2月23、24日、理化学研究所
CDB（神戸）、約150名参加、オーガナイザー：倉谷滋、深津武馬、藤原晴彦、講演者17名（海
外3名）、ポスター47件。
2. 「Current Problems in Vertebrate Evolutionary Development」2011年7月30日、みやこめ
っせ（京都）、約100名参加、オーガナイザー：倉谷滋、田中幹子、講演者5名（海外2名）
3. 「Symbiosis as the Source of Evolutionary Novelty」2011年7月27日、みやこめっせ（京
都）、約75名参加、オーガナイザー：深津武馬、Nancy Moran、講演者6名（海外3名）
4. 「第3回インフォマティクスオープンセミナー」2012年3月5日、沖縄科学技術大学院大学（沖
縄）、約80名参加、オーガナイザー：西山智明、PacBio RSを用いた解析法、次世代アセン
ブラーについて、講演者3名（海外1名）。

（4）招待講演

- 計画班：（代表）長谷部光泰：2010（海外1、国内2）、2011（海外5、国内1）、2012（海外6、国内3）
計画班：（代表）倉谷滋：2010（海外11、国内2）、2011（海外1、国内2）、2012（海外3、国内1）
計画班：（代表）嶋田透：2010（海外0、国内4）、2011（海外3、国内3）、2012（海外1、国内0）
計画班：（代表）藤原晴彦：2010（海外2、国内4）、2011（海外2、国内2）、2012（海外1、国内1）
計画班：（代表）川口正代司：2010（海外0、国内3）、2011（海外0、国内2）、2012（海外2、国内5）
計画班：（代表）深津武馬：2010（海外1、国内11）、2011（海外2、国内6）、2012（海外1、国内2）
計画班：（代表）西山智明：2010（海外0、国内1）、2011（海外0、国内2）、2012（海外1、国内1）
公募班：（代表）牧野能士：2011（海外0、国内4）、2012（海外0、国内0）
公募班：（代表）和田洋：2011（海外1、国内1）、2012（海外0、国内2）
公募班：（代表）岡田典弘：2011（海外5、国内1）、2012（海外1、国内1）
公募班：（代表）瀬々潤：2011（海外0、国内5）、2012（海外0、国内2）
公募班：（代表）新美輝幸：2011（海外1、国内5）、2012（海外3、国内1）
公募班：（代表）曾田貞滋：2011（海外0、国内1）、2012（海外0、国内0）
公募班：（代表）瀬戸口浩彰：2011（海外0、国内1）、2012（海外0、国内1）
公募班：（代表）古澤力：2011（海外0、国内4）、2012（海外0、国内2）
公募班：（代表）新田梢：2011（海外0、国内1）、2012（海外0、国内0）
公募班：（代表）松尾隆嗣：2011（海外0、国内3）、2012（海外0、国内0）
公募班：（代表）黄川田隆洋：2011（海外0、国内1）、2012（海外0、国内0）
公募班：（代表）吉田聡子：2011（海外2、国内1）、2012（海外0、国内1）
公募班：（代表）岩本政明：2011（海外0、国内2）、2012（海外0、国内0）

公募班：（代表）將口栄一：2011（海外0、国内0）、2012（海外0、国内1）

（5）「国民との科学・技術対話」について

平成23年7月31日（日）午後1時から5時 京都大学時計台百年記念ホール
「進化する生物の世界—生体高分子から生物多様性 脳・神経系から人間社会まで」（主催：日本進化学会、日本学術会議基礎生物学委員会など）を共催し、長谷部がオーガナイザーを務めた。当領域から長谷部、岡田が講演した。

その他、各班で個別に一般向けの講演などを行った。

計画班：（代表）長谷部光泰：2010(1)、2011(1)、2012(1)

計画班：（代表）倉谷滋：2010(2)、2011(1)、2012(0)

計画班：（代表）嶋田透：2010(1)、2011(0)、2012(0)

計画班：（代表）藤原晴彦：2010(1)、2011(1)、2012(0)

計画班：（代表）深津武馬：2010(3)、2011(0)、2012(0)

計画班：（代表）西山智明：2010(1)、2011(0)、2012(0)

公募班：（代表）岡田典弘：2011(2)、2012(1)

公募班：（代表）瀬々潤：2011(2)、2012(1)

公募班：（代表）新美輝幸：2011(1)、2012(0)

公募班：（代表）瀬戸口浩彰：2011(4)、2012(5)

公募班：（代表）古澤力：2011(1)、2012(0)

公募班：（代表）黄川田隆洋：2011(1)、2012(1)

6. 研究組織と各研究項目の連携状況

(6-1) 研究組織

総括班

複合適応形質進化の遺伝子基盤解明

研究代表者

長谷部 光泰 基礎生物学研究所 生物進化研究部門・教授

研究分担者

川口 正代司 基礎生物学研究所 共生システム研究部門・教授

倉谷 滋 理化学研究所 形態進化研究グループ・グループディレクター

嶋田 透 東京大学大学院 農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻・教授

西山 智明 金沢大学 学際科学実験センター・助教

深津 武馬 産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門・研究グループ長

藤原 晴彦 東京大学大学院 新領域創成科学研究科・教授

連携研究者

阿形 清和 京都大学大学院 理学研究科・教授

岡田 典弘 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生体システム専攻・教授

河田 雅圭 東北大学大学院 生命科学研究科・教授

郷 通子 情報・システム研究機構・理事

豊田 敦 国立遺伝学研究所 比較ゲノム解析研究室・特任准教授

藤山 秋佐夫 情報・システム研究機構 国立情報学研究所 情報学プリンシプル研究科・教授

望月 敦史 理化学研究所 基幹研究所・主任研究員

矢原 徹一 九州大学大学院 理学研究院・教授

計画班

少数遺伝子変化による新奇複合適応形質進化の分子機構解明

研究代表者 長谷部 光泰 基礎生物学研究所 生物進化研究部門・教授

研究分担者 大島 一正 京都府立大学大学院 生命環境科学研究科・助教

アーバスキュラー菌根共生系から根粒共生系への進化基盤の解明

研究代表者 川口 正代司 基礎生物学研究所 共生システム研究部門・教授

研究分担者 斎藤 勝晴 信州大学 農学部・准教授

カメの甲の新規形態パターンをもたらした発生機構の変化

研究代表者 倉谷 滋 理化学研究所 形態進化研究グループ・グループディレクター

研究分担者 入江 直樹 理化学研究所 形態進化研究グループ・研究員

カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化

研究代表者 嶋田 透 東京大学大学院 農学生命科学研究科・教授

研究分担者 勝間 進 東京大学大学院 農学生命科学研究科・准教授

大門 高明 農業生物資源研究所 昆虫科学研究領域・主任研究員

非モデル生物におけるゲノム解析法の確立

研究代表者 西山 智明 金沢大学 学際科学実験センター・助教

研究分担者 重信 秀治 基礎生物学研究所 生物機能解析センター・特任准教授

門田 幸二 東京大学 農学 生命科学研究科・特任助教

共生細菌による宿主昆虫の体色変化:隠蔽色に関わる共生の分子基盤の解明

研究代表者 深津 武馬 産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門・研究グループ長

研究分担者 土田 努 富山大学 先端ライフサイエンス拠点・特命助教

二河 成男 放送大学 教養学部・准教授

昆虫の擬態紋様形成の分子機構と進化プロセスの解明

研究代表者 藤原 晴彦 東京大学大学院 新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻・教授
研究分担者 堀 寛 名古屋大学 遺伝子実験施設・名誉教授

公募班

2 核性を獲得した織毛虫における核—細胞質間輸送系の複合適応形質進化

研究代表者 岩本 政明 情報通信研究機構 未来 ICT 研究所・専攻研究員

適応的形質獲得のゲノム基盤

研究代表者 岡田典弘 東京工業大学大学院 生命理工学研究科・教授

ネムリユスリカの乾燥無代謝休眠を支えるゲノム情報と原因遺伝子の解明

研究代表者 黄川田 隆洋 農業生物資源研究所 遺伝子組換え研究センター・主任研究員

FGF10 発現制御から解き明かす肢芽誘導機構の保存性と多様性

研究代表者 黒岩 厚 名古屋大学 理学研究科・教授

サンゴに共生する褐虫藻類の比較ゲノム学的研究

研究代表者 將口 栄一 沖縄科学技術大学院大学・グループリーダー

協調ネットワーク解析による複合適応形質要因の発見

研究代表者 瀬々 潤 東京工業大学大学院 情報理工学研究科・准教授

ミヤコグサとダイズ野生種における環境適応に関わる遺伝子基盤の解析

研究代表者 瀬戸口 浩彰 京都大学 大学院 人間・環境学研究科・准教授

マイマイカブリのゲノムと適応形態遺伝子

研究代表者 曾田 貞滋 京都大学大学院 理学研究科・教授

甲虫の角(ツノ)形成遺伝子ネットワークの進化メカニズムの解明

研究代表者 新美 輝幸 名古屋大学大学院 生命農学研究科・助教

送粉適応した協調的な花形質の進化:キスゲ属における遺伝子基盤とその分子進化の解明

研究代表者 新田 梢 九州大学大学院 理学研究院・学術研究員

変動する環境下での人工進化実験による進化過程の解析

研究代表者 古澤 力 理化学研究所 生命システム 研究センター・チームリーダー

アノールトカゲにおける複 合適応形質としての温度適 応分化の遺伝的基盤の解明

研究代表者 牧野 能士 東北大学大学院 生命科学研究科・助教

性的二型と闘争・求愛行動の進化

研究代表者 松尾 隆嗣 東京大学 大学院農学生命科学研究科・准教授

寄生植物コシオガマの寄生形質獲得に関わる遺伝子の同定

研究代表者 吉田 聡子 理化学研究所 植物科学研究センター・上級研究員

棘皮動物幼生骨片と脊椎動物咽頭弓をモデルとした新奇形態進化の研究

研究代表者 和田 洋 筑波大学 生命環境科学研究科・教授

(6-2) 各研究班の連携状況

(1) [領域会議、ニュースレター] 本領域は、「複合適応形質の進化機構解明」という共通の目標を持ち研究しているが、各班が異なった実験材料、現象を研究しているため、班員間の意見交換が重要である。年2回の領域会議時にはできるだけ時間をとり、議論を深めている(発表20分、質疑10分程度、交流会3時間程度)。また、総括班員よりほぼ全ての発表について質問、コメントが述べられ、領域の統合に役立っている。ニュースレターは年平均10号をweb上で発行し、領域内での情報交換に役立っている。

(2) [ゲノム支援活動] 本領域は進化生物学とゲノム生物学の融合を基礎として研究の進展を図ろうとしている。ほとんどの班員はゲノム生物学についての研究経験が無いことから、総括班にゲノム支援委員会を置き、下記のゲノム支援活動を行っている。従って、ほぼ全ての班と総括班が連携して共同研究を行っている。

A. 実験方法支援：当領域ではSOLiD、Illuminaの新型シーケンサーを保有していないことから、班員は新学術領域「ゲノム支援（小原代表）」か、基礎生物学研究所次世代シーケンサー共同利用研究に申請し、それぞれのシーケンサーを利用している。申請時において、各班員とともに研究内容を検討し、実験方法についてアドバイスしている。

B. 総括班ゲノム支援：計画班、公募班の区別無く、班員からゲノム支援申請をしてもらい、総括班ゲノム支援委員会で実験内容について指導を行い、申請者と委員会で合意を得たうえで支援活動を行っている。実験内容に応じて、基礎生物学研究所に設置されているSOLiD、Illuminaの次世代シーケンサーによる配列決定、あるいは、Beijing Genome Institute、タカラバイオへの委託を行っている。

C. 配列決定実験支援：本領域推進のため、また、当該領域の進展のためには、各班独自にゲノム実験、解析ができるようになる必要がある。従って、配列決定を全て分担するのではなく、班員が基生研に赴き、自ら実験を行い、自らデータ解析を行うようにしている。基礎生物学研究所所属の重信秀治准教授（方法開発班〔西山班〕分担者）の指導のもと、総括班で博士研究員1名、技術支援員1名を雇用し、各班員の実験指導を行っている。これまで、総括班支援をしているほぼ全てのグループから、約40名、各グループ5日程度、合計100日ほど共同実験を行った。

D. インフォマティクス支援：各班でインフォマティクス担当者を決め、担当者会議（インフォマティクス情報交換会）を年4回開催し、実験方法の講演、質疑、実習、情報共有をしている。ほぼ全ての班で、独自のゲノム解析ができるレベルに近づいている。また、この情報交換会、若手ワークショップなどの領域活動を通じて、実験系と情報系の若手同士の交流が活発となり、当領域若手研究者が、エボデボ青年の会、生命情報科学若手の会などの中心メンバーとして活動を広げている。

（3）**〔形質転換実験技術支援〕**責任遺伝子候補の特定後、その機能を明らかにするため、非モデル生物での形質転換実験系の確立、それが難しい場合は、他の生物での代替実験が必須である。これらの実験方法を支援するために、班員からの要望に応じて、毎年1回程度、実験講習会を開催している。すでに、カイコでの技術（藤原班）をクルマホソガ（長谷部班）、カイコ近縁種（嶋田班）に適用することが可能となったなどの実績があがっている。

（4）**〔各班間の連携状況〕**情報解析について黄川田班と嶋田班、ミヤコグサを用いた実験について川口班と瀬戸口班、遺伝子解析について新美班と深津班や曾田班、形態進化解析について黒岩班と倉谷班や岡田班、ゲノムサイズ測定において曾田班と将口班ならびに黄川田班と新美班において情報交換、共同研究などが行われている。瀬々班で開発したネットワーク解析スクリプト群を古澤班で利用する予定である。各班において用いる実験材料が異なること、対象とする複合適応形質が異なることから、班間の共同実験はそれほど多くは無い。しかし、領域会議、バイオインフォマティクス情報交換会を通して、異なった分野の研究者からの新たな視点や手法の導入は活発に行われている。

7. 研究費の使用状況

(1) 総括班として、新型シーケンサーPacBio RS (約1億円) を購入し、班員からの申請を受け付け、総括班ゲノム支援委員会と打合せの上、全員が利用可能にしている。2012年3月の導入後、常時稼働している。

(2) 総括班として、ゲノム配列決定実験用に年間約4000万円を支出している。班員から申請を受け付け、総括班ゲノム支援委員会と実験内容について打合せを行い、必要最小限の配列決定ですむように実験計画を練り直したうえで、全て採択している。費用の不足分は、各班の負担により遂行している。

(3) 総括班として、博士研究員、技術支援員を各1名雇用し、班員のゲノム配列決定実験支援、インフォマティクス解析支援を行っている。また、PacBio RSの運用、技術開発を行い、領域活動に利用している。

8. 今後の研究領域の推進方策

(総論)

本領域では、(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、(2) 複合適応形質を制御する遺伝子の同定、(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の解明、(4) 新規複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク進化プロセスの解明、を行い、新奇複合適応形質の進化機構を推定することを目的としている。そして、**進化生物学とゲノム生物学の研究者が連携して行う共同研究を通して、新しい進化生物学の発展を目指すものである。**これまで、総括班によるゲノム支援活動、形質転換実験技術支援活動を通して、総括班と各班が連携して、順調に研究を進めており、残り期間もこの体制を維持していく予定である。領域会議、若手ワークショップ、ニュースレターを通して、各班間の連携が効率的に行われており、**今後も維持する。**本領域は計画班代表の平均年齢50才、公募班代表の平均年齢44才と比較的若いグループであるので、今後の進化学分野の動向、方向性についての大局的な議論も進めていきたい。

(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については、計画研究西山班において、従来のSOLiD、Illuminaを用いた効率的、安価な解析法の研究を進めるとともに、最新のインフォマティクス実験法を領域各班に提供しており、各班にゲノム生物学的技術が順調に浸透している。**国際的に、実験生物学とインフォマティクスの融合が趨勢となっているが、日本では実験生物学者に対するインフォマティクス教育の機会が少ない。**本領域では、各班のインフォマティクス担当者を中心に、領域内で順調に若手研究者が育っている。さらに、これらの若手研究者が次世代シーケンサー現場の会(倉谷班分担者入江が副代表として、2012年5月に約400人が集まる連絡会を開催)、生命情報科学若手の会(長谷部班インフォマティクス担当福島が年会代表として2013年3月に基生研で開催)など、領域外活動も活発に行っており、**我が国で立ち遅れている、実験生物学へのインフォマティクス導入に貢献している**と考えている。本領域では、SOLiD、Illuminaによる解析に加え、PacBio RS (国内2号機) を導入し、非モデル生物のde novo配列決定の簡易化などを目指している。販売が約1年遅れたが、導入後、順調に稼働しており、今年度中には当領域独自の新技术、新インフォマティクス法を用いたde novo配列決定ができるはずである。**進化学の他の領域、あるいは進化学以外においても、本領域で開発した実験法は大きな波及効果をもたらすと考えている。**

(2) 複合適応形質を制御する遺伝子の同定、(3) 新規複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク構築(進化)のメカニズムの研究、(4) 複合適応形質を担う遺伝子ネットワークの構築(進化)プロセスの研究については、順調に研究が進んでおり、期間終了までに当初予定の成果を上げることができると考えている。各班が異なった実験材料、研究内容を扱っているが、領域会議などを通して、総合的理解を深め、領域全体の統合を目指していきたい。

（採択時の審査所見に対する対応）

採択時の審査結果において、（１）研究対象に掲げたテーマ（形質）が多すぎて研究成果が分散し、複合適応形質の解明に貢献できるか疑問である、（２）個々のケースで異なったメカニズムである可能性があり、各論に終始しないかという懸念がある、（３）生物種から原因遺伝子が特定できたとして、その機能を検証するのは困難ではないか、（４）集団遺伝学的要素についての検討が必要、（５）大量のデータ解析のための数理科学者の支援が必要ではないか、という意見をいただいた。

（１）、（２）についての対応：進化学の重要理論である自然選択説はダーウィンが多様な生物の多様性を研究する過程で個別の事象を総合化することによって産み出された。その他の進化研究においても、特定のテーマについて、多様な生物での解析を進め、材料を超えた一般性を探り出すことが標準的手法となっている。従って、本領域の研究テーマは、「複合適応形質の進化」という点で統一的であり、進化学分野としては、特にテーマが多すぎるという印象は持っていない。しかしながら、領域内で共通目的を解くために研究を進めるという共通意識を持つことは重要であり、そのための工夫が必要である。そこで、公募班採択時には、領域の目的である「複合適応形質の進化」に合致した研究のみを選択した。さらに、研究開始後も、領域全体に本領域の設置目的を周知するとともに、研究報告には、各研究班での結果が領域全体の設置目的にとってどのような位置づけとなるのか、どのような貢献があったかについて記述していただき、領域会議でも、議論を行っている。その結果、進化メカニズムについては「多分岐結節点遺伝子の進化が重要であること」、進化プロセスについては「祖先集団内多型が交雑を通して集団内に固定していった」という点が多くの研究に共通していることが浮かび上がってきた。

（３）についての対応：原因遺伝子特定後の機能解析は、本領域での重要課題であり、これまでの研究からほとんどの班で機能解析が可能となった。形質転換法が確立していたヒメツリガネゴケ、ミヤコグサ、カイコ、テトラヒメナ、大腸菌に加え、藤原班や新美班によって昆虫全般に適応可能な形質転換法、RNAi法が開発され、カイコ近縁種、アゲハチョウ類、クルミホソガ、カブトムシ、オオツノコクヌストモドキ、キクイムシ、マイマイカブリに技術応用が可能となった。食虫植物、コシオガマは本領域開始後、形質転換が可能となった。ネムリユスリカは培養細胞系を確立し、機能解析実験を可能とした。カメ、ギンザメ、シーラカンス、ショウジョウバエ近縁種については、近縁モデル生物を用いて遺伝子機能解析を行う系を開発した。褐虫藻、キスゲ類については研究を進めている段階である。

（４）についての対応：公募により、シクリッド（岡田班）、キスゲ（新田班）を用いた進化プロセスの研究課題を採択し、これらの研究で集団遺伝学的解析が進行している。また、計画班のクルミホソガの食草転換（長谷部班）についても責任遺伝子特定後に、集団遺伝学的解析が予定されている。

（５）についての対応：計画班の方法開発班（西山班）には、ゲノムの大量データ解析を得意とする生物学者（西山、重信）と情報数理学者（笠原、門田）から構成されており、大量データ解析について、領域内各班と共同研究を進めている。また、公募により、ネットワーク解析を専門とする瀬々班が加わり、各班との共同研究を開始している。さらに、先述のように、各班にインフォマティクス担当者をおき、インフォマティクス情報交換会での教育を通して、各班で独自に大量データを解析できるような体制の構築を行っている。

9. 総括班評価者による評価の状況

5名の総括班評価者より以下の評価・助言を得た。

阿形 清和 京都大学大学院 理学研究科・教授

本グループの一番の特色は、日本が出遅れているゲノムレベルの研究のレベルアップに貢献している点である。特に、非モデル生物のde novoゲノム配列決定という難作業の日本の看板グループを形成している。そして、次世代の生物学者に不可欠なゲノム解析技術を研究グループの若手を中心に遂行させることで、次世代の生物学者の養成拠点にもなっている点であろう。また、農水省関係のゲノム配列決定が、海苔とかカキみたいな食用生物を対象にしているのに対し、本グループは進化研究においてポイントとなる生物を厳選してゲノム研究を展開している。その着眼点の良さも本グループの大きな特色であり、成功すればNatureネタみたいなので研究を展開していることも大きな特色と思われる。このようなグループが形成されたことは、新学術領域研究科研費を新設したことの良い面が出た成果と高く評価している。

郷 通子(情報・システム研究機構・理事)

本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してスタートした。進化学の大問題である複合適応形質進化について、限られた年数の間に、どれほどの研究成果が得られるものか、いささかの危惧を抱きながら、この2年余りの間に、3回の班会議プラス総括班会議に参加した。しかし、班会議の研究発表を聴き、質疑応答や議論に引き込まれることによって、この危惧は杞憂であったことを学んだ。その理由を以下に述べる。

1. 時機を得た組織化と研究の進展：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と技術を浸透していない事実を踏まえ、ゲノム生物学者、情報数理生物学者によって、新型シーケンサーなどを活用した新実験研究手法の開発を行い、進化生物学者と共同研究を行うことによって、進化学の大問題である複合適応形質進化についての研究を進めるための時機を得た領域設定であり、着実に上の計画が進んでいることを新学術領域として、特に評価したい。
2. 実力あるメンバー構成：計画班員の研究者が日本発の独自の研究スタイルを築き上げ、2年余りの間の、すでに数々の実績をあげている。さらに、計画班にも劣らず、優れた研究実績を持つ研究者が公募班に採択され、また、優れた若手を見いだしており、中堅と若手の理想的な研究者集団を形成する試みが、極めて順調に進んでいる
3. ゲノム解析支援：各班にインフォマティクス担当を置き、計画研究西山班において、新型シーケンサーを用いた効率的、安価な解析法の研究を進めるとともに、最新のインフォマティクス実験法を領域各班に提供しており、領域内で実験生物学とインフォマティクスの融合を担う若手研究者が育っている事を高く評価する。

豊田 敦(国立遺伝学研究所 比較ゲノム解析研究室・特任准教授)

本研究課題「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」は、多くの非モデル生物を対象に、これまでの進化の捉え方では説明することが困難であった複合適応形質を担う遺伝子群を特定し、その遺伝子ネットワークおよび進化メカニズムを明らかにするという意欲的な研究内容である。また、個々のテーマも興味深い。このようなアプローチが可能となった背景には近年の配列決定技術の急速な進歩が挙げられ、非常にタイムリーで挑戦的な課題である。

これまでの研究成果は期待以上であり、ゲノム生物学(ゲノム科学)を通して見えてきた複合適応形質進化を引き起こすメカニズム(プロセス)に関する研究が順調に進んでいる。具体的には、各生

命現象の解明（責任遺伝子の同定）だけでなく、表現型への大きな変化を引き起こす共通のメカニズム（遺伝子ネットワーク上での機能・役割）も明らかになりつつあり、実験的に進化プロセスを解明する研究も開始されている。また、各班と密接に連携しながら生物学への普及が遅れている情報解析に関する人材の育成（教育システムの構築）にも重点をおいており、本研究分野への大きな波及効果をもたらすことが期待される。さらに、ゲノム解析技術や機能解析技術の開発も精力的に進めており、すでに大きな成果（次世代シーケンサーを用いたゲノム配列決定やSNPマッピング法、トランスクリプトームの解析手法、新規の形質転換法など）をあげている。なお、今後、配列決定のステップが律速になることが予想されるが、実績のある領域代表者の強い指導力のもと他の非モデル生物のゲノム解読および複合適応形質制御遺伝子解析におけるロールモデルとなる解析システムの構築に期待したい。

藤山 秋佐夫(情報・システム研究機構 国立情報学研究所 情報学プリンシプル研究科・教授)

本領域は、研究班の個別の研究を重視しながらも領域全体として進化生物学とゲノム生物学との融合を基礎とした新しい学術領域の創成を目指す点がユニークであり、長谷部代表のリーダーシップと相まって着実な成果を上げている。

誕生時期が比較的新しいゲノム生物学は、進化生物学、発生生物学などの他分野にゲノム情報を中核にした研究スタイルや解析技術を提供するだけではなく、それ自身も他分からの影響を受けて変革を続けている。ゲノム解析技術の進歩は依然として急速であり、本領域についても現在の状況と終了時とでは研究環境が大きく変わっている可能性は無視できない。これに対し、領域設計の中に当初から組み込まれた「ゲノム支援活動」が有効に働いており、配列決定と情報解析支援の両面で領域全体の進展に大きな寄与を果たしている。特に、人材不足が叫ばれて久しいバイオインフォマティクス分野での支援交流と実習等の試みが有積極的に行われている点は特筆に値する。今後も情報支援活動を積極的に進め、大規模データを自在に使いこなせる次世代型生物学者の育成につながることを期待したい。

一方、新学術領域は研究費の獲得が目的の基盤研究課題の単なる寄せ集めであっては、研究種目を設定した本来の趣旨から外れてしまう。支援は強力な接着剤となっているが、各班の連携が「支援」を核とした車軸型でおわらないよう、また、本領域の特徴でもある若い研究者が自分の殻に閉じこもることのないように、長谷部代表の今後の一層のリーダーシップに期待したい。市民/納税者への情報発信については、内容が少しとりつきにくい分野である一方、興味を引くような課題も多いので、今後も改善を加えつつ活動されることを期待する。

本研究領域が提案する学術領域の将来像については、領域を越えた議論と意見交換が早期に必要となるだろう。

望月 敦史(理化学研究所 基幹研究所・主任研究員)

研究課題は、植物、無脊椎動物、脊椎動物まで幅広く含んでいる一方で、生物学的・進化的に重要な興味深い現象に焦点が当てられており、課題選定は適切である。本領域の達成のためには、ゲノム配列決定や発現プロファイルの大規模解析に加えて、それらの大規模データを解析するための集団遺伝学や数理科学、ゲノム情報科学の導入が必要である。本領域はこれらの実験的手法および情報科学的手法を、様々な生物を解析するための道具として生かすため、支援班を設定することで計画的かつ組織的に行っていることに特徴がある。研究課題が多様で豊かである一方で、問題意識や技術の共有化により、研究者間での議論や研究交流は、活発に行われている。領域会議において発表された研究課題は、それぞれが挑戦的である一方で、既に幾つか成果が得られ始めている。また現時点で成果に至らずとも、新たな発見や現象のとらえ方を提案している研究課題もあり、大変に興味深い。また領域会議における若手研究者の積極性が素晴らしく、今後の具体的な成果へつながることが期待できるとともに、この分野の長期的な成長を期待させる。この様な意欲的な領域こそ、成果を国内のみならず海外に向けて示すことが必要であろう。国際研究会などの対外的成果発表を積極的に行うことが重要だと考える。