

領域略称名：複合適応形質進化
領域番号：3219

平成27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

「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年度～平成26年度

平成27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	7
2. 研究領域の設定目的の達成度	9
3. 研究領域の研究推進時の問題点と当時の対応状況	12
4. 審査結果の所見及び中間評価で指摘を受けた事項への対応状況	13
5. 主な研究成果（発明及び特許を含む）	15
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）	18
7. 研究組織（公募研究を含む）と各研究項目の連携状況	23
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）	25
9. 当該学問分野及び関連学問分野への貢献度	29
10. 研究計画に参画した若手研究者の成長の状況	30
11. 総括班評価者による評価	31

研究組織

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	22128001 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	長谷部 光泰	基礎生物学研究所・生物進化研究部 門・教授	15
A01 計	22128002 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	平成22年度～ 平成26年度	長谷部 光泰	基礎生物学研究所・生物進化研究部 門・教授	5
A02 計	22128003 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	平成22年度～ 平成26年度	倉谷 滋	独立行政法人理化学研究所・倉谷形 態進化研究室・主任研究員	2
A03 計	22128004 カイコとその近縁種に おける寄主植物選択機 構の進化	平成22年度～ 平成26年度	嶋田 透	東京大学・大学院農学生命科学研究 科・教授	2
A04 計	22128005 昆虫の擬態紋様形成の 分子機構と進化プロセ スの解明	平成22年度～ 平成26年度	藤原 晴彦	東京大学・新領域創成科学研究科・ 教授	2
A05 計	22128006 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	平成22年度～ 平成26年度	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	4
A06 計	22128007 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	平成22年度～ 平成26年度	深津 武馬	独立行政法人産業技術総合研究所・ 首席研究員	3
A07 計	22128008 非モデル生物における ゲノム解析法の確立	平成22年度～ 平成26年度	西山 智明	金沢大学・学際科学実験センター・ 助教	4
計画研究 計 8 件					
A01 公	23128501 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	平成23年度～ 平成24年度	牧野 能士	東北大学・生命科学研究科・助教	1

	的基盤の解明				
A01 公	23128502 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	平成23年度～平成24年度	和田 洋	筑波大学・生命環境系・教授	2
A01 公	23128503 適応的形質獲得のゲノム基盤	平成23年度～平成24年度	岡田 典弘	東京工業大学・生命理工学研究科・教授	3
A01 公	23128504 協調ネットワーク解析による複合適応形質要因の発見	平成23年度～平成24年度	瀬々 潤	東京工業大学・大学院情報理工学研究科・准教授	1
A01 公	23128505 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	平成23年度～平成24年度	新美 輝幸	名古屋大学・生命農学研究科・助教	1
A01 公	23128506 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	平成23年度～平成24年度	黒岩 厚	名古屋大学・理学研究科・教授	1
A01 公	23128507 マイマイカブリのゲノムと適応形態遺伝子	平成23年度～平成24年度	曾田 貞滋	京都大学・大学院理学研究科・教授	1
A01 公	23128508 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	平成23年度～平成24年度	瀬戸口 浩彰	京都大学・大学院人間環境学研究科・准教授	2
A01 公	23128509 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	平成23年度～平成24年度	古澤 力	独立行政法人理化学研究所・生命システム研究センター・チームリーダー	1
A01 公	23128510 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	平成23年度～平成24年度	新田 梢	九州大学・理学(系)研究科(研究院)・学術研究員	1
A01 公	23128511 性的二型と闘争・求愛行	平成23年度～平成24年度	松尾 隆嗣	東京大学・農学生命科学研究科・准教授	1

	動の進化				
A01 公	23128512 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	平成23年度～ 平成24年度	黄川田 隆洋	独立行政法人農業生物資源研究所・ 昆虫機能研究開発ユニット・主任研 究員	3
A01 公	23128513 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	平成23年度～ 平成24年度	吉田 聡子	独立行政法人理化学研究所・植物免 疫研究グループ・上級研究員	1
A01 公	23128514 2 核性を獲得した繊毛 虫における核-細胞質 間輸送系の複合適応形 質進化	平成23年度～ 平成24年度	岩本 政明	独立行政法人情報通信研究機構・研 究員	1
A01 公	23128515 サンゴに共生する褐虫 藻類の比較ゲノム学的 研究	平成23年度～ 平成24年度	將口 栄一	沖縄科学技術大学院大学・マリング ノミックスユニット・研究員	3
A01 公	25128701 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	平成25年度～ 平成26年度	和田 洋	筑波大学・生命環境系・教授	4
A01 公	25128702 性的二型と闘争・求愛行 動の進化	平成25年度～ 平成26年度	松尾 隆嗣	東京大学・農学生命科学研究科・准 教授	1
A01 公	25128703 新規形質獲得のゲノム 基盤とその進化的起源	平成25年度～ 平成26年度	二階堂 雅人	東京工業大学・大学院生命理工学研 究科・助教	2
A01 公	25128704 適応形質と原因遺伝子 の複雑な結びつきを解 く手法の開発	平成25年度～ 平成26年度	瀬々 潤	独立行政法人産業技術総合研究所・ ゲノム情報研究センター・研究チー ム長	1
A01 公	25128705 ソシオゲノムの進化:カ ースト分化を規定する 遺伝子群の解明	平成25年度～ 平成26年度	前川 清人	富山大学大学院・理工学研究部・准 教授	2
A01 公	25128706 甲虫の角(ツノ)形成遺	平成25年度～ 平成26年度	新美 輝幸	基礎生物学研究所・発生進化研究部 門・教授	1

	伝子ネットワークの進化メカニズムの解明				
A01 公	25128707 マイマイカブリのゲノム塩基配列と適応形態遺伝子	平成25年度～ 平成26年度	曾田 貞滋	京都大学・大学院理学研究科・教授	1
A01 公	25128708 ミヤコグサにおける花成時期制御に関わる遺伝子ネットワーク進化の解析	平成25年度～ 平成26年度	瀬戸口 浩彰	京都大学・大学院人間環境学研究科・教授	2
A01 公	25128709 動物体表の「やわらか模様」の進化と分子機構	平成25年度～ 平成26年度	宮澤 清太	大阪大学・生命機能研究科・助教	1
A01 公	25128710 菌根共生との共進化による植物の菌従属栄養性獲得に関する遺伝子基盤の解明	平成25年度～ 平成26年度	上中 弘典	鳥取大学・農学部・准教授	3
A01 公	25128711 送粉適応した花形質の進化:夜咲きの遺伝子基盤と進化過程の解明	平成25年度～ 平成26年度	新田 梢	横浜国立大学・男女共同参画推進センター・非常勤教員	1
A01 公	25128712 サンゴに共生する光合成性アピコンプレクサ類の比較ゲノム学的研究	平成25年度～ 平成26年度	將口 栄一	沖縄科学技術大学院大学・マリゲノミクスユニット・研究員	4
A01 公	25128713 ウミウシの盗葉緑体現象に注目した遺伝子水平伝播による複合適応形質の伝播機構解明	平成25年度～ 平成26年度	前田 太郎	基礎生物学研究所・共生システム研究部門・研究員	1
A01 公	25128714 ネムリユスリカの乾燥無代謝休眠を支えるゲノムの進化	平成25年度～ 平成26年度	黄川田 隆洋	独立行政法人農業生物資源研究所・昆虫機能研究開発ユニット・主任研究員	3
A01 公	25128715 大腸菌の進化実験による複合適応形質の進化過程の解析	平成25年度～ 平成26年度	古澤 力	独立行政法人理化学研究所・生命システム研究センター・チームリーダー	1

A01 公	25128716 ハマウツボ科寄生植物 の寄生形質獲得と適応 進化	平成25年度～ 平成26年度	吉田 聡子	独立行政法人理化学研究所・植物免 疫研究グループ・上級研究員	1
公募研究 計 31 件					

1. 研究領域の目的及び概要（2ページ程度）

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・強化につながる新たな研究領域か」

ダーウィンはさまざまな動植物を比較解析することによって自然選択理論を考案できた。木村資生はさまざまな生物の相同アミノ酸配列を比較した結果が時間に比例するという実験結果を重要なきっかけとして、分子進化の中立理論を考案した。つまり、生物進化の基本原理は実験材料によらず共通であり、複数の材料を研究し、それを統合することによってこそ新しい理論を構築できる。

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。例えば、昆虫の食草転換は幼虫が新しい食草を食べられるようになる進化と親が新しい食草に産卵するような進化がともに起こらなければ進化しない。幼虫と親の行動を制御するような遺伝子がほぼ同じタイミングで進化しなければならない。また、新奇適応形態（例えばカメの甲羅、食虫植物の捕虫葉）、擬態、共生（寄主と宿主の間での複数の変化）も、いくつかの進化が重なって初めて適応的となり、その途中段階では適応的でなく、かえって不利になってしまう。

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出すことを目指す。そのために、1分子並列処理シーケンサーなどを活用した新実験研究手法の開発を異なった研究材料を用いる研究者が共同して行い、モデル生物だけでなく、多様な非モデル生物のゲノムワイドな遺伝子ネットワーク解析を可能とし、進化生物学の技術革命を引き起こしたい。

② 研究の学術的背景（応募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）

ダーウィンの自然選択概念、メンデルの遺伝法則、そして、フィッシャーらによる集団遺伝学を統合し、1950年代までに進化の総合理論（総合説）が提唱された。さらに、1960年代にライトや木村資生によって偶然性を加味した中立的進化概念が加えられ、進化の理論的基盤が確立された。1960年代以降の分子生物学の進展により、単純な進化、例えば、酵素が新しい基質を分解できるようになる進化は、アミノ酸配列の変化を引き起こす塩基置換が集団内に固定されることで説明できることがわかり、多くの進化現象が従来の理論で説明できることがわかってきた。しかし、これらの進化理論がいまだ十分に説明できていない現象が、先述した「複合適応形質」の進化である。複合適応形質がどのようなメカニズムとプロセスで進化するのかについて、ゲノムが解読されたモデル生物の近縁種を中心として研究が始まっている。しかし、複合適応形質の多くは、非モデル生物、すなわち、ゲノム情報が無く、分子生物学的研究が進展していない実験材料でしか観察できず、その解析方法の確立が大きな課題だった。しかし、近年のゲノム決定技術の飛躍的進展により、非モデル生物のゲノムを解読し、複合適応形質を制御する遺伝子を明らかにし、還元的に研究を進められる可能性が高くなってきた。また、広範囲の動植物に RNAi 法などの遺伝子機能解析法が適応可能となっている。

③ 公募要領の「対象」、どのような取組（共同研究や研究人材の育成等）で当該領域を発展させるか。

系統的に多様かつ進化の鍵となる非モデル生物を用い、多様な研究者（昆虫、脊椎動物、植物、ゲノム生物学）が、全員の結果を多様な視点から検討し、進化学の新しい共通理論形成を目指す。

1 分子超並列シーケンサーを用いた非モデル生物における複合適応形質を制御する遺伝子探索のための一般的方法論開発のために、複数の系を並行的に研究し、方法論を比較、改善する。計画研究、公募研究ともに各グループにゲノム解析を担当する研究者を加え、計画研究方法開発班と密な連携（年6回程度の合同会議）をとり研究を推進するとともに wet と dry の両方がわかる研究者の育成を行う。

国際的にモデル生物の野生集団、品種を用いた研究が進んでいるが、非モデル生物を用いた複合適応形質進化研究は斬新である。本領域で確立した「非モデル生物」を用いた研究手法は、進化学全般においてゲノムレベルでの研究を推進する革新的技術となることが期待できる。

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

複合適応形質進化の研究はダーウィン以来、国内外において多数の研究例があり、現在も多くの研究が行われている。しかし、それらのほとんどは現象の記載、数理モデルにより既存の理論で現象を説明する研究がほとんどであった。一方、技術的問題から、複合適応形質の進化を遺伝子のレベルにまで還元した研究はほとんどできなかった。本研究領域では、代表的な進化研究材料（昆虫、脊椎動物、植物、菌根菌、細菌）を選択し、新型シーケンサーによるゲノム解読法、量的形質遺伝子座位解析法などの新技術を開発し、複合適応表現型の遺伝子基盤を明らかにする。このことにより、さまざまな生物における複合適応形質の制御遺伝子ネットワーク解析研究へのアプローチが可能となり、複合適応形質進化研究はもとより、周辺進化学領域（例えば、行動進化、人類進化、種分化研究など）における学術水準の向上に寄与できるはずである。

2. 研究領域の設定目的の達成度（3 ページ程度）

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、具体的に記載してください。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。

「設定目的 1-1」

複合適応形質を持つ生物はゲノム情報が十分でない場合が多い。そこで、非モデル生物においてゲノム解読を行うための方法開発を行う。具体的には、(1) 新型シーケンサーを用いた de novo ゲノム配列決定法、(2) 効率的 SNP マッピング法、(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、(4) 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、(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などの開発を行う。

「達成度」

ゲノム生物学者、情報数理生物学者からなる分野融合的な方法開発班（西山班：計画班）において非モデル生物のゲノム解読・解析法の開発を行い、必要な方法を全て開発できた。計画当初は、すでに市販されていた Illumina の短鎖配列決定シーケンサーと国内初販売の Pac Bio RS 長鎖配列決定シーケンサーを組み合わせることで非モデル生物のゲノム解析を計画し、Pac Bio RS に発売初期段階で多数のトラブルがあったものの無事解決し、計画どおり配列決定できるようになった。さらに、方法開発班で販売元とは独立にアセンブルプログラムを作成し、Pac Bio RS 単独で 3 週間弱で 300 Mb 程度のゲノム配列を決定できるようになり、方法開発としては当初計画を大きく上回る成果をあげることができた。

これらの成果をふまえ、他の計画班や公募班と共同研究することで、爬虫類 2 種（Wang et al. 2013 Nat. Genet.）、魚類 2 種、軟体動物 2 種、昆虫 10 種（Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet. ; Gusev et al. 2014 Nat. Commun.; Tisserant et al. 2013 PNAS など）、菌類 2 種、褐虫藻 1 種（Shoguchi et al. 2013 Curr. Biol.）、被子植物 5 種、アーバスキュラー菌根菌 1 種（Tisserant et al. 2013 PNAS）、昆虫共生細菌 24 種のゲノム概要解読とその後の解析を行うことができた。Pac Bio RS を用いた実験の効率化とコスト削減によって、当初予定（爬虫類 1 種、昆虫 5 種、アーバスキュラー菌根菌 1 種、褐虫藻 1 種、被子植物 2 種、昆虫共生細菌 5 種）を大幅に上回るゲノム概要解読が終了し、当初計画を大きく上回る成果をあげることができた。

「設定目的 1-2」

複合適応形質遺伝子の機能解析を行うために汎用的な遺伝子機能解析法を開発する。

「達成度」

藤原班（計画班）で昆虫全般に適用可能な新規形質転換法（Yamaguchi et al. 2011 PLoS One; Ando and Fujiwara 2013 Development; Kiuchi et al. 2014 Nature など）を開発し、責任遺伝子候補の機能解析を可能にし設定目的を達成した。さらに、当初予定には無かった CRISPR/Cas9 を用いたゲノム編集をも可能とし、当初計画を大きく上回る成果をあげることができた。植物について、当初は従来法で形質転換を行う予定であったが、領域研究途中で、子葉節を用いることで従来形質転換が困難あるいは低効率であった植物にも形質転換が極めて容易になることがわかり（Mano et al. 2014 PLoS One）、当初計画を大きく上回る成果をあげることができた。

開発した実験技術を領域内で広く利用できるように、論文発表に先立ったプロトコール共有（H23 年 3 月ニュースレター）、遺伝子機能解析技術ワークショップ（H23 年から 4 年間毎年、計 4 回）を

開催した。

「設定目的 2」

複合適応形質を制御する遺伝子を明らかにする。

「達成度」

計画班では、全ての班で一つ以上の複合適応形質遺伝子を同定することに成功し（Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet.; Yamaguchi et al. 2013 Nat. Commun.; Nishikawa et al. 2015 Nat. Commun.; Sakakibara et al. 2014 Science; Soyano et al. 2014 PNAS; Wang et al. 2013 Nat. Genet.; Fujii et al. 2011 PNAS; Tsuchida et al. 2010 Science など）、すべて一般誌に掲載され、当初予想を大きく上回る成果を上げることが出来た。公募班は、研究期間が短く、予算も少ないことから、当初はそれほど多くの班で複合適応形質遺伝子を同定できるとは予想していなかった。しかし、方法開発班による比較トランスクリプトーム法の統計処理法の開発、野生植物の遺伝学的手法を用いた SNP 選抜方法の開発により、半分強の班で複合適応形質遺伝子の同定に成功し（16 ページ図 3）、一般誌へ採択される班もでた（Gusev et al. 2014 Nature Commun. など）。従来、複合適応形質を制御する遺伝子を非モデル生物から同定した例はほとんど無く、本領域活動があってこそ同定できたものと考えられる。従って、設定目標を大きく上回る成果をあげることができた。

「設定目的 3」

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で進化してきたかを解明する。

「達成度」

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、各班が異なった材料、異なった複合適応形質について研究を進めた。領域会議、情報交換会、若手ワークショップなどを通じて、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。その結果、「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多分岐結節点遺伝子が増え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た（Yamaguchi et al. 2015 Nat. Commun.; Yoda et al. 2015 Nat. Commun.; Sasaki et al. 2014 Nat. Commun.; Wang et al. 2013 Nat. Genet.; Suzuki et al. 2015 Evol. Dev. など）。他の遺伝子との制御関係が多い多分岐結節点遺伝子を増やすことで、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。さらに、多分岐結節点遺伝子の制御様式を変化させる要因として 6 つのモードがあることがわかり（17 ページ図 4）、本領域の当初目的を十二分に達成できた。具体的には、(1) 多分岐結節点遺伝子の時空間的発現変化や新規下流因子獲得によるネットワーク組換え変化、(2) ゲノム構造変化による多分岐結節点遺伝子群の形成、(3) 形態変化による新規多分岐結節点遺伝子ネットワーク形成、(4) ホルモン進化による多分岐結節点遺伝子ネットワーク形成、(5) 水平伝搬、共生による異種ゲノムの影響、(6) レトロポゾンの転移などによる共通エンハンサーの獲得の 6 つのメカニズムがあることがわかった（Gusev et al. 2014 Nat. Commun.; Fukushima et al. 2014 Nat. Commun.; Miyamoto and Wada 2013 Nat. Commun.; Tsuchida et al. 2010 Science など）。このようなメカニズムの推定という総合的な研究は個別の研究を行っていたのでは不可能であり、本領域として代表的な複合適応形質を研究する研究者が同一目的のもと研究成果を持ち寄って議論することによって始めて可能となったものである。さらに、藤原班の研究から、シロオビアゲハの擬態においてゲノム構造変化による多分岐結節点遺伝子群が形成された後、逆位によって遺伝子群の組み合わせが固定し維持されていることがわかり（Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet.）、ゲノム構造変化によって多分岐結節点遺伝子群の誕生から固定までのメカニズムをうまく説明できることがわかり、設定目標を大きく上回

る成果をあげることができた。

「設定目的 4」

新奇複合適応形質の進化にはいくつかの突然変異の蓄積が必要な可能性が高いが、新規複合適応形質が完成するまでの不完全であろう途中段階をどのように乗り越えるかのプロセスを推定する。

「達成度」

従来、複合適応形質は複合的な表現型を示すことから、多数の遺伝子変異が蓄積することによって進化するのではないかと考えられてきた。しかし、本領域研究によって、複合適応形質を制御する遺伝子を同定し、それらの多くが多分岐結節点遺伝子であることがわかり、1 遺伝子の変化で複合的な表現型変化を生み出している可能性が高いことがわかった。そのため、不完全な途中段階を経ずに急激に表現型が変化しうることがわかった。一方、いくつかの遺伝子が関わる複合適応形質も従来報告されてきた (Barton et al. 2007. *Evolution*. Cold Spring Harbor Lab.)。このように複数の遺伝子変異が必要な場合には、本領域研究における複数個体のゲノムレベルの解析を通して、祖先集団で複数の遺伝子に突然変異がおり、それらの変異遺伝子が潜在変異 (standing variation) として集団内に蓄積し、交雑によって新たな組み合わせが生じることで複合適応形質が進化する場合がありうることもわかった (Brawand et al. 2014 *Nature*; Nikaido et al. 2014 *Genome Biol. Evol.*)。

古澤班 (公募) では、異なった抗生物質を添加した環境下において、植え継ぎ培養による大腸菌の進化実験を行い、表現型と遺伝子型がどのように変化したかを解析した。その結果、どの抗生物質への耐性株においても、同様な 7~8 個の遺伝子の発現量変化がおこっていることを示した (Suzuki et al. 2014 *Nat. Commun.*)。ところが、このような発現プロファイルの類似にも関わらず、ゲノム配列の変化に共通性は見られなかった。この結果は、近年、複合適応形質進化仮説として提唱されている「同一ゲノムから環境応答による可塑性によって生じる異なった表現型の中から、自然選択で特定の表現型が選択され、その後に、選択された表現型を固定するような遺伝子突然変異が起こる」(総説として Gerhart and Kirschner 2007 *PNAS*) という従来の遺伝子突然変異の後に表現型進化がおこるといふプロセスとは逆のプロセスが起こりうることを示唆し、このことは当初計画では予想できなかった発見であり今後の新たな研究展開が期待できる。

従って、設定目標を予定どおり達成するとともに、今後の進化学に大きな影響を与える可能性の高い予想外の萌芽的知見を得ることが出来たことから、当初目標を大きく上回る成果があがったと判断される。

3. 研究領域の研究推進時の問題点と当時の対応状況（1 ページ程度）

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。

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。

3年目に公募班3班が抜け新たに4班が加わったが、新たな若手研究者が加わることで、ゲノム生物学と進化生物学の融合の裾野を広げ、新たな複合適応形質進化研究の展開を生み出すことができた。

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

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>

(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。

>>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ふ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った。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、合計 10 回の領域会議、合計 18 回のインフォマティクス情報交換会、合計 53 号のニュースレターで、情報共有と議論を続けた。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「少数遺伝子で複合適応形質進化が可能」、「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」という共通点が浮かび上がってきた。

(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。

>>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。長谷部班の研究から子葉節を用いることでこれまで形質転換が困難であった植物でも形質転換ができるようになった。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。

(4) 集団遺伝学的要素についての検討が必要。

>>対応：シクリッド（岡田班、二階堂班）、キスゲ（新田班）を用いた集団遺伝学的研究課題を公募により採択し、研究が進展した。

(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。

>>対応：計画班の方法開発班（西山班）を、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）から構成し、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、各班との共同研究が成功した。さらに、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た。

<中間評価で指摘を受けた事項への対応状況>

(1) 実証モデルの妥当性、遺伝子のみならず、Non-coding RNA などの視点も必要である。

>>対応：領域開始当初より Non-coding RNA には注目しており、岡田班で SINE が複合適応形質進化に関わる可能性が高いことがわかった (Tashiro et al. 2011 PLoS One)。中間評価での指摘をうけ、総括班で Non-coding RNA を次世代シーケンサーを用いて解析するシステムを構築し、non-coding RNA が関与する複合適応形質がある場合にはすぐに対処できるようにした。その結果、嶋田班で性決定が non-coding RNA によって制御されていることを明らかにできた (Kiuchi et al. 2014 Nature)。

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

>>対応：中間評価後、方法開発班員と領域外の研究者との領域の成果を生かした共同研究として 18 編の論文を出版した (Wu et al. 2015 J. Exp. Bot.; Toyota et al. 2015 BMC Genomics; Toyokura et al. 2015 Plant Cell Physiol.; Kinoshita et al. 2015 Development; Bourguignon et al. 2015 Molec. Biol. Evol.; Blankenburg et al. 2015 Neuropharmacology; Yoshida et al. PLoS Genet.; Uehara et al. 2014 Plant Cell Physiol.; Matsui et al. 2014 Helicobacter; Kodama et al. 2014 BMC Genomics; Furuta et al. 2014 PLoS Genet.; Miyamoto et al. 2014 BMC Genomics; Tabata et al. 2013 Plant Signal. Behav.; Hoepflinger et al. 2013 J. Exp. Bot.; Hayashi et al. 2013 PLoS One; Gallot et al. 2012 BMC Genomics; Price et al. 2011 Molec. Biol. Evol.; Banks et al. 2011 Science)。また、領域外への領域での成果とゲノム生物学の最新情報を提供するため、方法開発班において、バイオインフォマティクスオープンセミナーを全国 8 カ所で 8 回、学会等での成果発表を 31 回行い、和文総説を 13 編発表した。本領域総括班、方法開発班で購入した Pac Bio RS、顕微切片作製装置などは全て大学共同利用機関である基礎生物学研究所に移管し、共通機器として大学共同利用に用いられており、領域外の研究者の研究に貢献している。

(3) 数理解析については、連携は進んでいるものの、論文発表は未だにないことから、遅れが見られるという意見もあった。

>>対応：中間評価後出版された、本領域のゲノム解読、トランスクリプトーム解析に関する論文 8 編 (Takeshita et al. 2014 Genome Announc.; Sakakibara et al. 2014 Development; Gusev et al. 2014 Nat. Commun.; Wang et al. 2013 Nat. Genet.; Takahara et al. 2013 Plant Cell Physiol.; Shibata et al. 2013 Genome Announc.; Hojo et al. 2012 Insect Mol. Biol.; Banks et al. 2011 Science) は方法開発班におけるゲノム数理解析と計画・公募班の共同研究によるものである。また、長谷部班 (計画) の発生学的研究と川口班 (計画) の数理生物学的シミュレーションを用いた共同研究により葉形態進化の機構が明らかになった (Fukushima et al. 2015 Nat. Commun.)。松尾班 (公募) と瀬々班 (公募) が共同して、行動様式を定量的に種間で比較するための解析方法を開発し、この手法を用いてテナガショウジョウバエに特徴的な行動様式の存在を明らかにすることができた (Setoguchi et al. 2014 J. Ethol.)。

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]

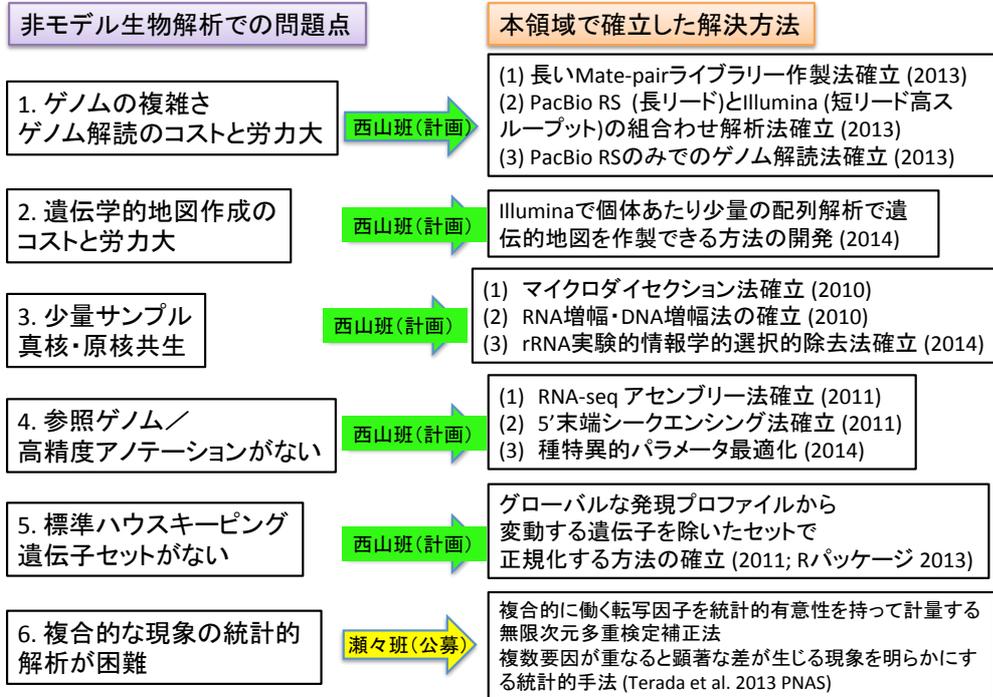
(3 ページ程度)

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。

1.1 非モデル生物のゲノム解読・解析法の開発

図1 非モデル生物のゲノム解読・解析法の開発

(): 方法が確立した年度



[計画班] ゲノム生物学者、情報数理生物学者からなる方法開発班（西山班）を設置し非モデル生物を用いた複合適応形質進化研究に必要なゲノム解読・解析法の開発を行った（図1）。

[公募班] 瀬々班で複合的データの統計解析法を開発した（図1）。方法開発は西山班と各班との共同研究として行った。

1.2 非モデル生物の複合適応形質制御遺伝子解析法の確立

[計画班] 昆虫全般（藤原班: Kiuchi et al. 2014 Nature; Ando and Fujiwara 2013 Development など）や被子植物全般（長谷部班: Mano et al. 2014 PLoS One; Kubo et al. 2013 Plant J.）に適用可能な新規形質転換法を開発し、責任遺伝子候補の機能解析を可能にし、各班での共同研究に供した。

図2 本領域でゲノム概要解読した生物

計画班	公募班
<p>藤原班: Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet. シロオビアゲハ (227 Mb) ナミアゲハ (244 Mb)</p> <p>倉谷班: Wang et al. 2013 Nat. Genet. スッポン (2.2 Gb) アオウミガメ (2.3 Gb)</p> <p>川口班: Tisserant et al. 2013 PNAS. アーバスキュラー菌根菌 (101 Mb) アツゲケカビ目菌類 (49 Mbと59 Mb)</p> <p>長谷部班: フクロユキノシタ (2 Gb) コモウセンゴケ (350 Mb) クルミソコガ (400 Mb) オジギソウ (1 Gb)</p> <p>嶋田班: イチジクカサネ (350 Mb) エリサン (500 Mb)</p> <p>深津班: 昆虫共生細菌 24種 (0.57-9.4 Mb)</p>	<p>黄川田班: Gusev et al. 2014 Nat. Commun. ネムリユスリカ (96 Mb) ヤモンユスリカ (95 Mb)</p> <p>新美班: カブトムシ (638 Mb)</p> <p>宮澤班: コモンフグ (352 Mb) ムシフグ (359 Mb)</p> <p>前田班: チドリミドリガイ (900 Mb) コノミドリガイ (900 Mb)</p> <p>吉田班: コシオガマ (1.4 Gb)</p> <p>新美班: ヤマトシロアリ (924 Mb)</p> <p>前川班: ヤマトシロアリ (924 Mb)</p> <p>マイマイカブリ (180 Mb)</p>

2. 非モデル生物のゲノム解読

[計画班] 図2に示したように藤原班でシロオビアゲハとナミアゲハ (Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet.)、倉谷班でスッポンとアオウミガメ (Wang et al. 2013 Nat. Genet.)、川口班でアーバスキュラー菌根菌 *Rhizophagus irregularis* (Tisserant et al. 2013 PNAS)、深津班で7種の昆虫の共生細菌のゲノム解読結果を発表し、他班でも投稿準備中

である。

[公募班] 黄川田班でネムリユスリカとヤモンユスリカ (Gusev et al. 2014 Nat. Commun.)、將口班で褐虫藻 (Shoguchi et al. 2013 Curr. Biol.) のゲノム解読結果を発表し、他班でも投稿準備中である。ゲノム解読は方法開発班と各班との共同研究で行った。

3. 複合適応形質を制御する遺伝子の同定

[計画班] 図3にあるように、すべての班で制御遺伝子を同定あるいは、ほぼ同定した。

[公募班] 約半分の班で制御遺伝子の同定に成功し、残りの班でも同定に近づいた。

図3 複合適応形質を制御する遺伝子=多分岐結節点遺伝子の同定

計画班	複合適応形質	制御遺伝子	
藤原班	シロオビアゲハ擬態 アゲハ幼虫隠蔽擬態	<i>doublesex</i> 遺伝子と近傍遺伝子 (Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet.) <i>Wnt1</i> 、 <i>apontic-like</i> 転写因子遺伝子(Yamaguchi et al. 2015 Nat. Commun.; Yoda et al. 2015 Nat. Commun.) Class 2 KNOXホメオボックス遺伝子 (Sakakibara et al. 2014 Science) <i>TRICOT</i> , <i>VAG1</i> など10遺伝子 (Soyano et al. 2014 PNAS) <i>Wnt5a</i> 遺伝子 (Wang et al. 2013 Nat. Genet.) <i>Bmacj6</i> POU ホメオボックス遺伝子 (Fujii et al. 2011 PNAS) アブラムシの緑色色素産生遺伝子 (Tsuchida et al. 2010 Science) AS2遺伝子 約170 kb領域に絞り込み	
長谷部班	世代交代		
川口班	ミヤコグサ根粒共生		
倉谷班	カメの甲羅形成		
嶋田班	カイコ近縁種食草転換		
深津班	アブラムシの体色変化		
長谷部班	食虫植物捕虫葉 クルミホソガ食草転換		
公募班			ARId遺伝子領域 (Gusev et al. 2014 Nature Commun.) エラスチン重合制御遺伝子 <i>doublesex</i> 遺伝子 <i>EMBRYONIC FLOWER</i> など22遺伝子 <i>ANTHOCYANIN2</i> 遺伝子 <i>PjYUCCA3</i> 遺伝子 QTL・比較トランスクリプトーム解析で候補遺伝子探索中 比較トランスクリプトーム解析で候補遺伝子見つからず 遺伝子発現プロファイルから候補遺伝子選定中 カースト分化調整遺伝子を探索中 プロテアーゼ遺伝子 比較トランスクリプトーム解析で候補遺伝子探索中
黄川田班	ネムリユスリカの乾燥無代謝休眠		
二階堂班	シクリッドの唇肥大化		
新美班	カブトムシのツノ形態		
瀬戸口班	ミヤコグサ開花制御		
新田班	ユウスゲの送粉適応		
吉田班	ハマウツボ科植物の寄生		
曾田班	マイマイカブリの頭部形態		
松尾班	テナガショウジョウバエの闘争性		
將口班	サンゴ共生		
前川班(2年間)	シロアリのカースト分化		
上中班(2年間)	植物の菌共生		
宮澤班(2年間)	フグの体表模様		

4. 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、領域会議などで各班で共同で議論を進め、これまでの研究成果を総括した結果、「複合適応形質進化が引き起こされるメカニズムとして、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多分岐結節点遺伝子が増加することによって複合適応形質進化のような大きな形質変化を引き起こすことができる」(図4) ことがわかってきた。さらに、変化のメカニズムとして、図4に示した6つがあることがわかった。

5. 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

図3、4に示したように多くの班で複合適応形質を制御する遺伝子が少数の多分岐結節点遺伝子であるということがわかってきた。このことから、多分岐結節点遺伝子という1遺伝子の変化によって複合的な表現型の進化が起こる可能性が高い(図5) ことがわかった。さらに、交配分離集団を用いた実データを用いて、多分岐結節点遺伝子の変化によって、種分化が起きうることをシミュレーションで推測した (Matsumoto et al. 2015 J. Theor. Biol.; Hirota et al. 2012 PLoS One)。一方、複数の遺伝子変異によって複合適応形質が進化することも知られている。二階堂班 (公募) では、東アフリカのシクリッドにおいて、祖先

集団における大規模な多型が数百万年間保存されていることを発見した (Brawand et al. 2014 Nature; Nikaido et al. 2014 Genome Biol. Evol.)。このことから、祖先集団にあった潜在変異 (standing variation) が、交雑によって新たな組み合わせを生み出し複合適応形質が進化する (図5) 場合がありうることがわかった。この2つのプロセス以外に、古澤班 (公募) における大腸菌を用いた人工進化実験からエピジェネティックな変化によって複合適応的な進化が起こりうる (図5) ことが示唆された (詳細は11ページ参照)。

図4 多分岐結節点遺伝子の変化によるネットワーク組換えのメカニズム

1. 多分岐結節点遺伝子の時空間発現変化や新規下流因子獲得によるネットワーク組換え変化

- 藤原班: 転写因子下流因子が変わることによる新機能獲得 (Yoda et al. 2014 Nat. Commun.; Yamaguchi et al. 2013 Nat. Commun.)
- 川口班: 茎頂分裂組織で使われていた遺伝子ネットワークを改変して根粒形成 (Sasaki et al. 2014 Nat. Commun.)
- 倉谷班: 四肢に用いていたWnt5a遺伝子が甲羅形成時に機能 (Wang et al. 2013 Nat. Genet.)
- 和田班 [公募]: ヤツメウナギの目形成は生活史の異なった段階で異なった多分岐結節点遺伝子を用いる (Suzuki et al. 2015 Evol. Dev.)
- 新美班: 目形成、付属肢形成に用いられている結節点遺伝子がツノ形成を担う

● 計画班
● 公募班

2. ゲノム構造変化による多分岐結節点遺伝子群の形成

- 藤原班: シロオビアゲハの擬態で、性決定の*doublesex*と紋様形成関連の2遺伝子が連鎖し*super gene*形成 (Nishikawa et al. 2015 Nat. Genet.)
- 黄川田班: ネムリユスリカの乾燥無代謝休眠関連遺伝子が重複し集積した領域の発見 (Gusev et al. 2014 Nat. Commun.)
- 新田班: ANTHOCYANIN2様遺伝子のイントロン内の挿入配列により組換え異常がおこる可能性

3. 形態変化による新規多分岐結節点遺伝子ネットワーク形成

- 長谷部班: 食虫植物の捕虫葉形態変化により、葉の耐病性遺伝子が消化酵素として機能 (Fukushima et al. 2015 Nat. Commun.)
- 和田班: 分節形成が2つの発生場に分断され、神経管と内胚葉性咽頭嚢の協調的な分節が進化 (Miyamoto and Wada 2013 Nat. Commun.)

4. ホルモン進化による多分岐結節点遺伝子ネットワーク形成

- 嶋田班: カイコガのフェロモンの進化が受容体に加え、行動変化を引き起こす (Namiki et al. 2014 Biology Lett.)
- 吉田班: 遺伝子重複により生じた新規ストリゴラクトン受容体を用いて寄生機能獲得 (Conn et al. 2015 Science under revision)

5. 水平伝搬、共生による異種ゲノムの影響

- 深津班: アブラムシの体色変化は共生したRickettsiellaがアブラムシの代謝を変化させておこる (Tsuchida et al. 2010 Science; Tsuchida et al. 2014 Environ. Microbiol.)
- 黄川田班: ネムリユスリカの乾燥無代謝休眠にバクテリアから水平伝搬で獲得したLEAタンパク質が関与 (Gusev et al. 2014 Nat. Commun.)

6. 共通エンハンサーの獲得

- 岡田班: 哺乳類進化にエンハンサー機能を持つレトロポゾンの転移が関わった可能性 (Tashiro et al. 2011 PLoS One)

図5 複合適応形質の進化プロセス

● 計画班
● 公募班

小数の多分岐結節点遺伝子の変化で複合適応形質が進化する

- 計画班と公募班 (図4のように複合適応形質が多分岐結節点遺伝子で制御されていることがわかった)
- 新田班: 開花時間や花色の交雑分離集団解析の実証データを用いたシミュレーションで多分岐結節点遺伝子の変化で種分化が起こることを示す (Matsumoto et al. 2015 J. Theor. Biol.; Hirota et al. 2013 PLoS One; Hirota et al. 2012 PLoS One)

潜在的祖先集団内多型 (standing variation) と交雑により複合適応形質が進化する

- 二階堂班: 東アフリカのシクリッドで集団中に祖先集団における大規模な多型が数百万年レベルでゲノム中に保持されていることを発見 (Brawand et al. 2014 Nature; Nikaido et al. 2014 Genome Biol. Evol.)

環境適応によるエピジェネティックな変化が未知の機構により固定する

- 古澤班: 大腸菌の人工進化実験で異なった遺伝子型から類似した表現型が生じていることを発見 (Suzuki et al. 2014 Nat. Commun.)

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 ページ程度）

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。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。また、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。また、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。

(1-1) 主な論文、書籍（英文）

計画班：（代表）長谷部光泰、（分担）大島一正

- ◎Fukushima, K., Fujita, H., Yamaguchi, T., Kawaguchi, M., Tsukaya, H., and *Hasebe, M. (2015). Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *Sarracenia purpurea*. **Nat. Commun.** 6, 6450.
- Mano, H., Fujii, T., Sumikawa, N., Hiwatashi, Y., and *Hasebe, M. (2014). Development of an Agrobacterium-Mediated Stable Transformation Method for the Sensitive Plant *Mimosa pudica*. **PLoS ONE** 9, e88611.
- ◎Tomescu, A.M., Wyatt, S.E., Hasebe, M., and Rothwell, G.W. (2014). Early evolution of the vascular plant body plan - the missing mechanisms. **Curr. Opin. Plant Biol.** 17C, 126-136
- Xu, B., Ohtani, M., Yamaguchi, M., Toyooka, K., Wakazaki, M., Sato, M., Kubo, M., Nakano, Y., Sano, R., Hiwatashi, Y., Murata, T., Kurata, T., Yoneda, A., Kato, K., Hasebe, M., and *Demura, T. (2014). Contribution of NAC transcription factors to plant adaptation to land. **Science** 343, 1505-1508.
- Kubo, M., Imai, A., Nishiyama, T., Ishikawa, M., Sato, Y., Kurata, T., Hiwatashi, Y., Reski, R., and *Hasebe, M. (2013). System for stable beta-estradiol-inducible gene expression in the moss *Physcomitrella patens*. **PLoS ONE** 8, e77356.
- *Murata, T., Sano, T., Sasabe, M., Nonaka, S., Higashiyama, T., Hasezawa, S., Machida, Y., and Hasebe, M. (2013). Mechanism of microtubule array expansion in the cytokinetic phragmoplast. **Nat. Commun.** 4, 1967.
- *Sakakibara, K., Ando, S., Yip, H.K., Tamada, Y., Hiwatashi, Y., Murata, T., Deguchi, H., Hasebe, M., and Bowman, J.L. (2013). KNOX2 genes regulate the haploid-to-diploid morphological transition in land plants. **Science** 339, 1067-1070.
- *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.
- 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. **Nat. Commun.** 2, 544.
- その他：◎Gusev, et al. (2015) **Nat. Commun.** [黄川田の項に詳細情報あり]; Fukushima and Hasebe (2015) **Genesis**; ◎Sakakibara et al. (2014) **Development** [西山の項に詳細情報あり]; Kofuji and Hasebe (2014) **Curr. Opin. Plant Biol.**; Ishida et al. (2014) **EMBO Rep.**; Furuta et al. (2014); **PLoS Genet.**; Shibata et al. (2013) **Genome Announc.**; Takeshita et al. (2014) **Genome Announc.**; Hieno et al. (2014) **Nucleic Acids Res.**; Sessa, E. (2014) **Gigascience**; Yoshida et al. (2014) **PLoS Genet.**; Zimmer et al. (2013) **BMC Genomics**; Kim et al. (2013) **J. Biol. Chem.**; Aoyama et al. (2012) **Development**; Nishimura et al. (2012) **Plant Cell Physiol.**; Nishiyama et al. (2012) **PLoS One**; Zhao et al. (2012) **Phytochemistry**; Ohshima et al. (2010) **Mol. Phylogenet. Evol.**

計画班：（代表）倉谷滋、（分担）入江直樹

- ◎Green et al. (Irie, N. 55 名中 45 番目) (2014) Three crocodylian genomes reveal ancestral patterns of evolution among archosaurs. **Science** 346, 1254449.1
- ◎*Irie, N., and Kuratani, S. (2014) The developmental hourglass model: a predictor of the basic body plan? **Development** 141, 4649-4655
- Pascual-Anaya, J., Zaddissa, A., Aken, B., Zhang, G., and Irie, N.* (2014) Turtle ghrelin. **Nat. Genet.** 46, 526.
- *Hirasawa, T., Nagashima, H., and Kuratani, S. (2013). The endoskeletal origin of the turtle carapace. **Nat. Commun.** 4, 2107
- Wang, Z., Pascual-Anaya, J., Zaddissa, A., Li, W., Niimura, Y., Huang, Z., Li, C., White, S., Xiong, Z., Fang, D., Wang, B., Ming, Y., Chen, Y., Zheng, Y., Kuraku, S., Pignatelli, M., Herrero, J., Beal, K., Nozawa, M., Wang, J., Zhang, H., Yu, L., Shigenobu, S., Wang, J., Liu, J., Flicek, P., Searle, S., Wang, J., Kuratani, S., Yin, Y., Aken, B., Zhang, G., *Irie, N. (2013) The draft genomes of soft-shell turtle and green sea turtle yield insights into the development and evolution of the turtle-specific body plan. **Nat. Genet.** 45, 701–706.
- *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. **Nat. Commun.** 28, 373.
- *Irie, N., and Kuratani, S. (2011) Comparative transcriptome analysis reveals vertebrate phylotypic period during organogenesis. **Nat. Commun.** 2, 248.
- その他：Pascual-Anaya et al. (In press) **Int. J. Dev. Biol.**; Hirasawa et al. (In press) **J. Exp. Zool.**; Hirasawa and Kuratani 2015 **Zool. Lett.**; Onai et al. (2014) **Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.**; Nagashima et al. (2013) **J. Anat.**; Kuratani et al. (2012) **J. Anat.**; Adachi and Kuratani (2012) **Evol. Dev.**; Adachi et al. (2012) **Evol. Dev.**; Kuratani (2012) **Evol. Dev.**; Kuraku and Kuratani (2011) **Genome Biol. Evol.**; Wada et al. (2011) **Dev. Biol.**; Nagashima et al. (2011) **Anat. Sci. Int.**; Onimaru et al. (2011) **Dev. Biol.**; Takechi et al. (2011) **J. Exp. Zool.**; Kawashima-Ohya et al. (2011) **Evol. Dev.**; Yao et al. (2011) **J. Exp. Zool.**; Sugahara et al. (2011) **Development**; Kusakabe et al. (2011) **Dev. Biol.**; Kuratani et al. (2011) **Evol. Dev.**; Takechi and Kuratani (2010) **J. Exp. Zool.**; Kuraku et al. (2010) **Dev. Biol.**; Kokubo et al. (2010) **Evol. Dev.**

計画班：（代表）嶋田透、（分担）勝間進、木内隆史

- ◎Kiuchi, T., Koga, H., Kawamoto, M., Shoji, K., Sakai, H., Arai, Y., Ishihara, G., Kawaoka, S., Sugano, S., Shimada, T., Suzuki, Y., Suzuki, M.G., and *Katsuma, S. (2014). A single female-specific piRNA is the primary determiner of sex in the silkworm. **Nature** 509, 633-636.
- Wang, L., Kiuchi, T., Fujii, T., Daimon, T., Li, M., Banno, Y., Kikuta, S., Kikawada, T., Katsuma, S., *Shimada, T. (2013) Mutation of a novel ABC transporter gene is responsible for the failure to incorporate uric acid in the epidermis of ok mutants of the silkworm, *Bombyx mori*. **Insect Biochem. Molec. Biol.** 43, 562-571.
- 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.
- 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. USA** *108*, 7102-7106.
- その他 : Wang et al. (2015) **Insect Biochem. Mol. Biol.**; Fujii et al. (2015) **Insect Mol. Biol.**; Namiki et al. (2014) **Biol. Lett.**; Bisch-Knaden et al. (2013) **Proc. Biol. Sci.**; Wang et al. (2013) **Insect Biochem. Mol. Biol.**; Wang et al. (2013) **Genome**; Hori et al. (2013) **J. Invertebr. Pathol.**; Katsuma et al. (2012) **J. Insect Biotech. Sericology**; Ito et al. (2012) **Genome**; Fujii et al. (2012) **Genetica**; Daimon et al. (2012) J. Chem. Ecol.; Daimon et al. (2012) J. Insect Sci.; Kiuchi et al. (2011) **Insect Biochem. Mol. Biol.**; Fujii et al. (2011) **Insect Biochem. Mol. Biol.**
- 計画班 : (代表) 藤原晴彦、(分担) 堀寛**
- Edayoshi, M., Yamaguchi, J., and *Fujiwara, H. (2015) Protruding structures on caterpillar are controlled by ectopic Wnt1 expression. **PLoS One**, *10*, e0121736.
- Nishikawa, H., Iijima, T., Kajitani, R., Yamaguchi, J., Ando, T., Suzuki, Y., Sugano, S., Fujiyama, A., Kosugi, S., Hirakawa, H., Tabata, S., Ozaki, K., Morimoto, H., Ihara, K., Obara, M., Hori, H., Itoh, T., and *Fujiwara, H. (2015) A genetic mechanism for female-limited Batesian mimicry in Pupalio butterfly. **Nat. Genet.** *47*, 405-409
- ◎Yoda, S., Yamaguchi, J., Mita, K., Yamamoto, K., Banno, Y., Ando, T., Daimon, T., and *Fujiwara, H. (2014) The transcription factor apontic-like controls diverse coloration pattern in caterpillars. **Nat. Commun.** *5*, 4936.
- Nishikawa, H., Iga, M., Yamaguchi, J., Saito, K., Kataoka, H., Suzuki, Y., Sugano, S., and *Fujiwara, H. (2013) Molecular Basis of the wing coloration in a Batesian mimic butterfly, *Papilio polytes*. **Sci. Rep.** *3*, 3184.
- Yamaguchi, J., Yamamoto, K., Mita, K., Banno, Y., Ando, T., and *Fujiwara, H. (2013) Periodic Wnt expression in response to ecdysteroid generates twin-spot markings on caterpillars. **Nat. Commun.** *4*, 1857.
- Ando, T., and *Fujiwara, H. (2013) Electroporation mediated somatic transgenesis for rapid functional analysis in insects. **Development**, *140*, 454-458.
- Futahashi, R., Shirataki, H., Narita, T., Mitak, K., and *Fujiwara, H. (2012) Microarray-based Comprehensive Analysis for Stage-specific Larval Camouflage Pattern-associated Genes in the Swallowtail Butterfly, *Papilio xuthus*. **BMC Biol.** *10*, e46.
- Yamaguchi, J., Mizoguchi, T., and *Fujiwara, H. (2011) siRNAs induce efficient RNAi response in *Bombyx mori* embryos. **PLoS One**, *6*, e25469
- その他 : Matsumoto et al. (2015) **J. Insect Physiol.**; Fujiwara (2015) **Microbiol. Spectrum**; Kamimura et al. (2014) **Appl. Entomol. Zool.**; Suetsugu et al. (2013) **G3**; Shirai et al. (2012) **PLoS One**; Ando et al. (2011) **Dev. Biol.**; Osanai-Futahashi and Fujiwara (2011) **Mol. Biol. Evol.**; Terenius et al. (2011) **J. Insect Physiol.**; Shirataki et al. (2010) **Evol. Dev.**;
- 計画班 : (代表) 川口正代司、(分担) 齊藤勝晴**
- Daum, G., Medzihradzsky, A., Suzuki, T. and Lohmann J.U. (2014). A mechanistic framework for noncell autonomous stem cell induction in *Arabidopsis*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *111*, 14619-14624.
- Sasaki, T., Suzuki, T., Soyano, T., Kojima, M., Sakakibara, H. and *Kawaguchi, M. (2014). Shoot-derived cytokinins systemically regulate root nodulation. **Nat. Commun.** *5*, 4983.
- Soyano, T., Hirakawa, H., Sato, S., *Hayashi, M., and *Kawaguchi, M. (2014). NODULE INCEPTION creates a long-distance negative feedback loop involved in homeostatic regulation of nodule organ production. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *111*, 14607-14612.
- ◎*Wakabayashi, T., Oh, H., Kawaguchi, M., Harada, K., Sato, S., Ikeda, H., and Setoguchi, H. (2014). Polymorphisms of E1 and GIGANTEA in wild populations of *Lotus japonicus*. **J. Plant Res.** *127*, 651-660.
- Tisserant et al. (44 名中半田が 12 番目、川口が 16 番目、齊藤が 28 番目) (2013). The genome of an arbuscular mycorrhizal fungus provides insights into the oldest plant symbiosis. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *110*, 20117-20122.
- Okamoto, S., Shinohara, H., Mori, T., * Matsubayashi, Y., and * Kawaguchi, M. (2013). Root-derived CLE glycopeptides control nodulation by direct binding to HAR1 receptor kinase. **Nat. Commun.** *4*, 2191.
- * Fujita, H. and Kawaguchi, M. (2013). Pattern formation by two-layer Turing system with complementary synthesis. **J. Theor. Biol.** *322*, 33-45.
- 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** *109*, 11723-11728.
- *Fujita, H., Toyokura, K., Okada, K., and Kawaguchi, M. (2011) Reaction-diffusion pattern in shoot apical meristem of plants. **PLoS ONE** *6*, e18243.
- その他 : Suzaki and Kawaguchi (2014) **Curr. Opin. Plant Biol.**; ◎Fukushima et al. (2015) **Nat. Commun.**; Suzaki et al. (2015) **Int Rev. Cell Mol. Biol.**; Takeda et al. (2015) **Plant Physiol.**; Funamoto et al. (2015) **Mycorrhiza**; Suzaki et al. (2014) **Development**; Yoro et al. (2014) **Plant Physiol.**; Kojima et al. (2014) **Plant Cell Physiol.**; Kikuchi et al. (2014) **New Phytol.**; Chungopast et al. (2014) **Plant Biotechnol.**; Fujita et al. (2014) **PLoS One**; Takeda et al. (2013) **Plant Cell Physiol.**; Miyata et al. (2013) **Plant Cell Physiol.**; Tameshige et al. (2013) **PLoS Genet.**; Suzaki and Kawaguchi (2013) **Front. Plant Sci.**; Murakami et al. (2013) **Plant Cell Physiol.**; Suzaki et al. (2013) **Development**; Suzaki et al. (2012) **Development**; Hakoyama et al. (2012) **Plant Physiol.**; Sandal et al. (2012) **DNA Res.**; Hakoyama et al. (2012) **Plant Cell Physiol.**; Okamoto et al. (2011) **Plant Cell Physiol.**; Krusell et al. (2011) **Plant J.**; Yoshida et al. (2010) **Plant Cell Physiol.**; Kouchi et al. (2010) **Plant Cell Physiol.**; Groth et al. (2010) **Plant Cell**; Miyazawa et al. (2010) **Development**.
- 計画班 : (代表) 深津武馬、(分担) 土田努、二河成男**
- ◎Takeshita, K., Shibata, T. F., Nikoh, N., Yamaguchi, K., Nishiyama, T., Hasebe, M., Fukatsu, T., Shigenobu, S., and *Kikuchi, Y. (2014) Whole-genome sequence of *Burkholderia* sp. strain RPE67, a bacterial gut symbiont of the bean bug *Riptortus pedestris*. **Genome Announc.** *2*, e00556-14.
- ◎Nikoh, N., Hosokawa, T., Moriyama, M., Oshima, K., Hattori, M., and *Fukatsu, T. (2014) Evolutionary origin of insect-*Wolbachia* nutritional mutualism. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *111*, 10257-10262.
- ◎Kaiwa, N., Hosokawa, T., Nikoh, N., Tanahashi, M., Moriyama, M., Meng, X. Y., Maeda, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Ito, M.,

- and [*Fukatsu, T.](#) (2014) Symbiont-supplemented maternal investment underpinning host's ecological adaptation. **Curr. Biol.** *24*, 2465-2470.
- Husnik, F., [Nikoh, N.](#), Koga, R., Ross, L., Duncan, R. P., Fujie, M., Tanaka, M., Satoh, N., Bachtrog, D., Wilson, A. C. C., von Dohlen, C. D., [Fukatsu, T.](#), and [*McCutcheon J. P.](#) (2013) Horizontal gene transfer from diverse bacteria to an insect genome enables a tripartite nested mealybug symbiosis. **Cell** *153*, 1567-1578.
- Shibata, T. F., Maeda, T., [Nikoh, N.](#), Yamaguchi, K., Oshima, K., Hattori, M., Nishiyama, T., Hasebe, M., [Fukatsu, T.](#), Kikuchi, Y., and [*Shigenobu, S.](#) (2013) Complete genome sequence of *Burkholderia* sp. strain RPE64, bacterial symbiont of the bean bug *Riptortus pedestris*. **Genome Announc.** *1*, e00441-13.
- [*Futahashi, R.](#), Kurita, R., Mano, H., and [Fukatsu, T.](#) (2012) Redox alters yellow dragonflies into red. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *109*, 12626-12631.
- [*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.
- その他 : Sugimoto et al. (2015) **Appl. Entomol. Zool.**; Hosokawa et al. (2015) **Appl. Entomol. Zool.**; Tsuchida et al. (2014) **Appl. Environ. Microbiol.**;
- 計画班 : (代表) 西山智明、(分担) 重信秀治、門田幸二**
- ◎ Takeshita, K., Shibata, T. F., Nikoh, N., [Nishiyama, T.](#), Hasebe, M., Fukatsu, T., [Shigenobu, S.](#), and Kikuchi, Y. (2014). Whole-Genome Sequence of *Burkholderia* sp. Strain RPE67, a Bacterial Gut Symbiont of the Bean Bug *Riptortus pedestris*. **Genome Announc.** *2*, e00556-14.
- ◎ Sakakibara, K., Reisewitz, P., Aoyama, T., Friedrich, T., Ando, S., Sato, Y., Tamada, Y., [Nishiyama, T.](#), Hiwatashi, Y., Kurata, T., et al. (2014). *WOX13*-like genes are required for reprogramming of leaf and protoplast cells into stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. **Development** *141*, 1660-1670.
- ◎ Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., [Shigenobu, S.](#), Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., Peichel, C.L., Toyoda, A., et al. (2014). Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. **PLoS Genet.** *10*, e1004223.
- Sun, J., [Nishiyama, T.](#), Shimizu, K., and [*Kadota, K.](#) (2013). TCC: an R package for comparing tag count data with robust normalization strategies. **BMC Bioinformatics** *14*, 219.
- Hayashi, Y., [Shigenobu, S.](#), Watanabe, D., Toga, K., Saiki, R., Shimada, K., Bourguignon, T., Lo, N., Hojo, M., Maekawa, K., et al. (2013). Construction and characterization of normalized cDNA libraries by 454 pyrosequencing and estimation of DNA methylation levels in three distantly related termite species. **PLoS One** *8*, e76678.
- [*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.
- その他 : Wu et al. 2015 **J. Exp. Bot.**; Toyota et al. (2015) **BMC Genomics**; Toyokura et al. (2015) **Plant Cell Physiol.**; Kinoshita et al. (2015) **Development**; Bourguignon et al. (2015) **Molec. Biol. Evol.**; Blankenburg et al. (2015) **Neuropharmacology**; ◎ Gusev et al. (2014) **Nat. Commun.** [黄川田の項に詳細あり]; ◎ Uehara et al. (2014) **Plant Cell Physiol.**; ◎ Matsui et al. (2014) **Helicobacter**; ◎ Kodama et al. (2014) **BMC Genomics**; ◎ Furuta et al. (2014) **PLoS Genet.**; ◎ Miyamoto et al. (2014) **BMC Genomics**; Wang et al. (2013) **Nat. Genet.**; Takahara et al. (2013) **Plant Cell Physiol.**; Tabata et al. (2013) **Plant Signal. Behavior**; Shigenobu and Stern (2013) **Proc. Biol. Sci.**; Shibata et al. (2013) **Genome Announc.**; Hoepfflinger et al. (2013) **J. Exp. Bot.**; Kadota et al. (2012) **AMB**; Gallot et al. (2012) **BMC Genomics**; Hojo et al. (2012) **Insect Mol. Biol.**; Shigenobu and Wilson (2011) **CMLS**; Price et al. (2011) **Molec. Biol. Evol.**; Kadota and Shimizu (2011) **BMC Bioinformatics.**; Ebine et al. (2011) **Nat. Cell Biol.**; Banks et al. (2011) **Science**.
- 以降公募班 : 牧野能士**: Tezuka et al. (2012) **PLoS One**; Pessia et al. (2012) **PNAS**; Satake et al. (2012) **DNA Res.**; Makino and Kawata (2012) **Molec. Biol. Evol.**; Kitano et al. (2011) **PLoS One**
- 和田洋 : Suzuki et al. (2015) **J. Comp. Neurol.**; Suzuki et al. (2015) **Evol. Dev.**; Koga et al. (2014) **Genesis**; [*Miyamoto, N.](#) and [Wada, H.](#) (2013) Hemichordate neurulation and the origin of the neural tube. **Nat. Comm.** *4*, 27132; Morino et al. (2012) **Evol. Dev.**; Hashimoto et al. (2012) **Dev. Biol.**; Yao et al. (2011) **J. Exp. Zool.**; Kaneto and Wada (2011) **J. Exp. Zool.**; Kurita and Wada (2011) **Biol. Lett.**; Ito et al. (2011) **Dev. Genes Evol.**; Ito et al. (2011) **Biol. Bull.**
- 岡田典弘**: Yoshida et al. 2011 **PLoS Genet.**; Ota et al. (2012) **Gene**; 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
- 二階堂雅人** : Suzuki et al. (2015) **BMC Evol. Biol.**; Kudo et al. (2015) **Gene**; ◎ Brawand, D., et al. ([Nikaido, M.](#), 75人中45番目, [Nishihara, H.](#), 46番目) (2014) The genomic substrate for adaptive radiation in African cichlid fish. **Nature** *513*:375-381; ◎ [Nikaido, M.](#), Ota, T., Hirata, T., Satta, Y., Saito, Y., Aibara, M., Mzighani, S.I., Hagino-Yamagishi, K., Sturmbauer, C., [*Okada, N.](#) (2014) Multiple episodic evolution events in VIR receptor genes of East-African cichlids. **Genome Biol. Evol.** *6*:1135-1144; [Nikaido et al.](#) (2013) **Genome Biol. Evol.**; Kawashima et al. (2013) **Mol. Phylogenet. Evol.**
- 瀬々潤**: Tedder, A., Helling, M., Pannell, J.R., Shimizu-Inatsugi, R., Kawagoe, T., van Campen, J., Sese, J. and Shimizu, K.K. (2015) Female sterility associated with increased clonal propagation suggests a unique combination of androdioecy and asexual reproduction in populations of *Cardamine amara* (Brassicaceae) **Ann. Bot.** *115*, 763-776; Yamada et al. (2014) **Mach. Learn.**; ◎ Akama, A., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., and Sese, J. (2014) Genome-wide quantification of homeolog expression ratio revealed nonstochastic gene regulation in synthetic allopolyploid Arabidopsis **Nucleic Acids Res.** *42*, e46; ◎ Setoguchi et al. (2014) **J. Ethol.** [松尾の項に詳細記述]; Terada, A., Okada-Hatakeyama, M., Tsuda, K., and Sese, J. (2013) Statistical significance of combinatorial regulations. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** *110*, 12996-13001; Terada et al. (2013) **BIBM2013**; Terada et al. (2013) **BIBE2013**; Ogura et al. (2013) **Sci. Rep.**; Izawa and Sese (2013) **Source Code Biol. Med.**; Fukuzaki et al. (2012) **BIBM2012**; Terada and Sese (2012)

BICoB-2012

- 新美輝幸:** Gotoh et al. (2015) *Dev. Dyn.*; Gotoh et al. (2015) *J. Insect Biotechnol. Sericol.*; Kuwayama et al. (2014) *PLoS One.*; Ito, Y., Harigai, A., Nakata, M., Hosoya, T., Araya, K., Oba, Y., Ito, A., Ohde, T., Yaginuma, T. and *Niimi, T. (2013). The role of *doublesex* in the evolution of exaggerated horns in the Japanese rhinoceros beetle. *EMBO Rep.* 14, 561-567. *Osanai-Futahashi, M., Ohde, T., Hirata, J., Uchino, K., Futahashi, R., Tamura, T., Niimi, T. and *Sezutsu, H. (2012). A visible dominant marker for insect transgenesis. *Nat. Commun.* 3, 1295
- 曾田 貞滋:** ©Fujimaki, K., Fujisawa, T., Yazawa, S., Nishimura, O. and *Sota, T. (2014) Comparative transcriptomic analysis of two closely related ground beetle species with marked genital divergence using pyrosequencing. *Zool. Sci.* 31, 587-592. ©Takahashi, T., Nagata, N. and *Sota, T. (2014) Application of RAD-based phylogenetics to complex relationships among variously related taxa in a species flock. *Mol. Phylogenet. Evol.* 80, 137-144; Okuzaki and Sota (2014) *J. Evol. Biol.*; *Konuma et al. (2014) *Mol. Ecol.*; *Tanabe and Sota (2014) *Evolution*; *Konuma et al. (2013) *Ecology*; *Sota et al. (2013) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*; *Konuma et al. (2013) *Heredity*; Takahashi et al. (2013) *Mol. Ecol.*; *Ikeda, H., Nishikawa, M. and Sota, T. (2012) Loss of flight promotes beetle diversification. *Nat. Commun.* 3, 648; Tsuchiya et al. (2012) *J. Evol. Biol.*; Kitamura et al. (2012) *J. Evol. Biol.*; *Ikeda et al. (2012) *Pedobiol.*; *Yamamoto and Sota (2012) *Mol. Ecol.*; *Tsuji and Sota (2011) *Entomol. Exp. Appl.*; *Satoh et al. (2011) *Entomol. Sci.*; *Ikeda and Sota (2011) *Ecol. Evol.*; Nariai et al. (2011) *PLoS One*; *Toju et al. (2011) *Evolution*; *Toju et al. (2011) *Am. Nat.*; *Sota et al. (2011) *Biol. J. Linn. Soc.*; *Konuma et al. (2011) *Evolution*.
- 瀬戸口 浩彰:** *Higashi et al. (2015) *Conservation Genet. Resour.*; *Murai et al. (2015) , S., Setoguchi, H., Kitajima, J., and Iwashina, T. (2015) *Nat. Prod. Commun.*; *Murai et al. (2015) *Nat. Prod. Commun.*; *Kameoka et al. (2015) *Appl. Plant Sci.*; *Ikeda et al. (2015) *J. Plant Res.*; *Higashi et al. (2015) *Plant Syst. Evol.*; ©Wakabayashi, T., Kawaguchi, M., Harada, K., Sato, S., Ikeda, H., and Setoguchi, H. (2014) Polymorphisms of *E1* and *GIGANTEA* in wild populations of *Lotus japonicus*. *J. Plant Res.* 127, 651-660; *Ikeda et al. (2014) *Biol. J. Linn. Soc.*; *Ikeda et al. (2014) *New Phytol.*; *Kono et al. (2014) *Caryologia*; *Ohtsuki et al. (2014) *Appl. Plant Sci.*; *Aoki et al. (2014) *PLoS One*; *Ohtsuki et al. (2013) *Biochem. Syst. Evol.*; *Kono et al. (2013) *Chromosome Bot.*; *Ikeda et al. (2013) *Bull. Natl. Sci. Mus. Nature Sci.*; *Higashi et al. (2013) *Bot. J. Linn. Soc.*; *Ikeda and Setoguchi (2013) *Biol. J. Linn. Soc.*; *Ohtsuki et al. (2013) *Ecol. Evol.*; Ohki and *Setoguchi (2013) *Appl. Plant Sci.*; *Ikeda et al. (2012) *New Phytol.*; Matsuda et al. (2012) *Conservation Genet. Resour.*; Yamada et al. (2012) *FEMS Microbiol. Ecol.*; *Kono et al. (2012) *Ann. Bot.*; *Mitsui and Setoguchi (2012) *BMC Evol. Biol.*; *Higashi et al. (2012) *J. Plant Res.*; *Mitsui and Setoguchi (2012) *Plant Syst. Evol.*; Ishibashi and *Setoguchi (2012) *J. Plant Res.*; *Mitsui et al. (2011) *Evolution*; Sugahara et al. (2011) *J. Plant Res.*; Nishimura and *Setoguchi (2011) *J. Plant Res.*; *Ikeda et al. (2011) *J. Plant Res.*; Noda et al. (2011) *Biol. J. Linn. Soc.*; *Setoguchi et al. (2011) *Conservation Genet.*; *Iwashina et al. (2011) *Bull. Natl. Sci. Muse. Nature Sci.*; Takigawa et al. (2011) *Chem. Pharm. Bull.*; *Ohtsuki et al. (2011) *AoB Plants*
- 古澤 力:** *Kaneko et al. (2015) *Phys. Rev. X*, 5, 011014; Suzuki et al. (2015) *Jour. Biosci. Bioeng.*; ©Suzuki, S., Horinouchi, T., *Furusawa, C. (2014) Prediction of antibiotic resistance by gene expression profiles. *Nat. Commun.* 5, 5792; ©Ohno et al. (2014) *Bioinformatics*; ©Horinouchi et al. (2014) *Jour. Lab. Automation*; *Furusawa and Kaneko (2013) *PLoS One*; *Furusawa et al. (2013) *Adv. Biochem. Eng. Biotechnol.*
- 新田 梢:** *Matsumoto, T., Yasumoto, A. A., Nitta, K., Hirota, K. S., Yahara, T., Tachida, H. (2015) Difference in flowering time can initiate speciation of nocturnally flowering species. *J. Theor. Biol.* 370, 61-71; *Hirota, S. K., Nitta, K., Suyama, Y., Kawakubo, N., Yasumoto, A. A. and Yahara, T. (2013) Pollinator-mediated selection on flower color, flower scent and flower morphology of *Hemerocallis*: evidence from genotyping individual pollen grains on the stigma. *PLoS One* 8, e85601; *Matsumoto et al. (2013) *J. Theor. Biol.*; *Hirota et al. , 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* 7, e39010
- 松尾 隆嗣:** Kudo et al. (2015) *Entomol. Sci.*; Yang et al. (2015) *PLoS One*; ©Setoguchi, S., Takamori, H., Aotsuka, T., Sese, J., Ishikawa, Y., and *Matsuo, T. (2014) Sexual dimorphism and courtship behavior in *Drosophila prolongata*. *J. Ethol.* 32, 91-102; Ohta et al. (2014) *Appl. Entomol. Zool.*; Harada et al. (2012) *PLoS One*; *Matsuo (2012) *Appl. Entomol. Zool.*; Tomioka et al. (2012) *Genes Genet. Sys.*; Takahashi et al. (2011) *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*.
- 黄川田 隆洋:** Okada et al. (2015) *Cryobiol. Cryotech.*; Hatanaka et al. (2015) *Planta*; ©Gusev O, Suetsugu Y, Cornette R, Kawashima T, Logacheva M.D, Kondrashov A.S, Penin A.A, Hatanaka R, Kikuta S, Shimura S, Kanamori H, Katayose Y, Matsumoto T, Shagimardanova E, Alexeev D, Govorun V, Wisecaver J, Mikheyev A, Koyanagi R, Fujie M, Nishiyama T, Shigenobu S, Shibata T.F, Golygina V, Hasebe M, Okuda T, Satoh N, *Kikawada T (2014) Comparative genome sequencing reveals genomic signature of extreme desiccation tolerance in the anhydrobiotic midge. *Nat. Commun.* 5:4784; Suzuki et al. (2014) *PLoS One*; *Hatanaka et al. (2014) *Biochem Biophys. Res. Commun.*; Gusev et al. (2013) *Cryobiol. Cryotech.*; Wang et al. (2013) *Insect Biochem. Mol. Biol.*; Hatanaka et al. (2013) *Insect Biochem. Mol. Biol.*; Mukae et al. (2012) *Cryobiol. Cryotech.*; Furuki et al. (2012) *Biochim. Biophys. Acta*; Kikuta et al. (2012) *Font. Physiol.*; Mukae et al. (2012) *Cryobiol. Cryotech.*; Cornette and *Kikawada (2011) *IUBMB Life*; Gusev et al. (2011) *Cell Stress. Chaperones*; Furuki et al. (2011) *Biochemistry*
- 吉田 聡子:** Ichihashi et al. (2015) *Brief. Funct. Genomics*; Yoshida et al. (2012) *New Phytologist*; *Yoshida and *Shirasu (2012) *Curr. Opin. Plant Biol.*; Herder et al. (2012) *Plant Cell*; Ishida et al. (2011) *PLoS One*
- 將口 栄一:** Maruyama et al. (2015) *PLoS One*; ©*Mungpakdee, S., Shinzato, C., Takeuchi, T., Kawashima, T., Koyanagi, R., Hisata, K., Tanaka, M., Goto, H., Fujie, M., Lin, S., Satoh, N. and *Shoguchi, E. (2014) Massive gene transfer and extensive RNA editing of a symbiotic dinoflagellate plastid genome. *Genome Biol. Evol.* 6, 1408-1422; Shinzato et al. (2014) *Front. Microbiol.*; *Shoguchi, E., Shinzato, C., Kawashima, T., Gyoja, F., Mungpakdee, S., Koyanagi, R., Takeuchi, T., Hisata, K., Tanaka, M., Fujiwara, M., Hamada, M., Seidi, A., Fujie, M., Usami, T., Goto, H., Yamasaki, S., Arakaki, N., Suzuki, Y., Sugano, S., Toyoda, A., Kuroki, Y., Fujiyama, A., Medina, M., Coffroth, M. A., Bhattacharya, D. and *Satoh, N. (2013) Draft assembly of the *Symbiodinium minutum* nuclear genome reveals dinoflagellate gene structure. *Curr. Biol.* 23, 1399-1408; *Shoguchi (2013) *Jpn. J. Protozool.*; Koyanagi et al. (2013) *Zool. Sci.*
- 前川 清人:** Saiki et al. (2015) *Insect Mol. Biol.*; Saiki et al. (2014) *Zool. Sci.*; Miyazaki et al. (2014) *BMC Evol. Biol.*; Shimada and *Maekawa (2014) *J. Insect Physiol.*; *Maekawa et al. (2014) *Austral Entomol.*; *Miyazaki et al. (2014) *PLoS One*; *Watanabe et al. (2014) *Front. Physiol.*; Hayashi et al. (2013) *PLoS One*; Masuoka et al. (2013) *Arthropod Struct. Dev.*; Toga et al. (2013) *J. Exp. Zool.*; Shimada et al. (2013) *Eukaryot. Cell*

(1-2) 主な論文、書籍（和文）

本領域の成果を領域外に公開するため、**雑誌での特集**（計画班藤原が監修：平成24年「生物科学（岩波書店）」）、**雑誌への連載**（長谷部領域代表が監修：細胞工学「ゲノムで進化の謎を解く！（秀潤社）」平成24年～平成26年〔全14回〕）、**単行本の出版**（長谷部領域代表が監修：細胞工学連載分に古澤力（公募班）が理論、重信秀治（計画分担）が実験技術について本領域の全体研究成果を増補し、平成27年8月発行予定〔19編約150ページ〕を行った。

班員により合計121編の和文総説を発表した。

(2) ホームページ

領域 web ページ (<http://staff.aist.go.jp/t-fukatsu/SGJHome.html>) で5年間に合計53号のニュースレターを発行し、(1) 研究領域概要、(2) 各年度各班ごとの研究計画と研究成果、(3) 領域開催国際・国内シンポジウムや若手ワークショップ報告、(4) 主要論文速報、(5) ゲノム支援活動、(6) 遺伝子機能解析技術ワークショップ内容を公開した。

各班でゲノム解析結果などの研究成果をホームページで順次公開している。これまで、嶋田班（カイコ、カイコ近縁種：SilkBase〔<http://silkbases.ab.a.u-tokyo.ac.jp>〕）、瀬々班（配列・統計解析ソフト〔<http://seselab.org/homeorq>〕と〔<http://seselab.org/lamp>〕）、將口班（サンゴ・褐虫藻ゲノム〔<http://marinegenomics.oist.jp/genomes/gallery>〕）が公開しており、今後、順次、ゲノム解読を行った全ての班においてゲノム解析結果をホームページ上で公開する。

(3) 主催シンポジウム

(3-1) 国内シンポジウム（9回：うち2回は平成27年度開催予定）公開

(1) 平成22年9月（東京大学、約100名参加）、(2) 平成23年9月（東京大学、約100名参加）、(3) 平成24年9月（北海道大学、約50名参加、植物学会と共催）、(4) 平成25年9月（慶応大学、約50名参加、新学術領域「ゲノム・遺伝子相関（高山誠司代表）」と遺伝学会と共催）、(5) 平成25年9月（岡山大学、約50名参加、動物学会と共催）、(6) 平成25年12月（神戸、約150人参加、分子生物学会と共催）、(7) 平成26年12月（東京大学、約80名参加）、(8) 平成27年度8月予定（中央大学、進化学会と共催）、(9) 平成27年9月（新潟大学、植物学会と共催）

(3-2) 若手ワークショップ（8回）非公開

(1) 平成22年9月（東京大学、約100名参加）、(2) 平成23年10月（東京大学、約80名参加）、(3) 平成24年3月（近畿大学、約30名参加、応用動物昆虫学会〔応動昆〕と共催）、(4) 平成24年10月（東京大学、約80名参加）、(5) 平成26年3月（日本大学、約40名参加、応動昆と共催）、(6) 平成26年8月（釧路、約70名参加、非公開）、(7) 平成26年12月（東京大学、約50名参加）、(8) 平成27年3月（山形大学、約50名参加、応動昆と合同）

(3-3) 国際シンポジウム（8回）公開

(1) 平成23年2月（理研CDB、約150名参加）、(2) 平成23年7月（京都、約100名参加、国際分子進化学会と共催）、(3) 平成23年7月（京都、約75名参加、国際分子進化学会と共催）、(4) 平成24年3月（沖縄科学技術大学院大学、約75名参加）、(5) 平成24年9月（東京大学、約50名参加）、(6) 平成25年3月（シンガポール、約100名参加、Plant and Animal Genome Asia と共催）、(7) 平成25年8月（筑波大学、約120名参加、進化学会と共催）、(8) 平成26年11月（ドイツ Max Planck Koeln 研究所、約120名参加、新学術「植物発生ロジックの多元的開拓（塚谷裕一代表）、基礎生物学研究所、Max Planck Koeln 研究所、TEMASEK 研究所との共催

(4) アウトリーチ活動

研究成果のプレスリリースを19回（H22:1回、H23:3回、H24:2回、H25:7回、H26:6回）行い、198の新聞・雑誌等に掲載された。

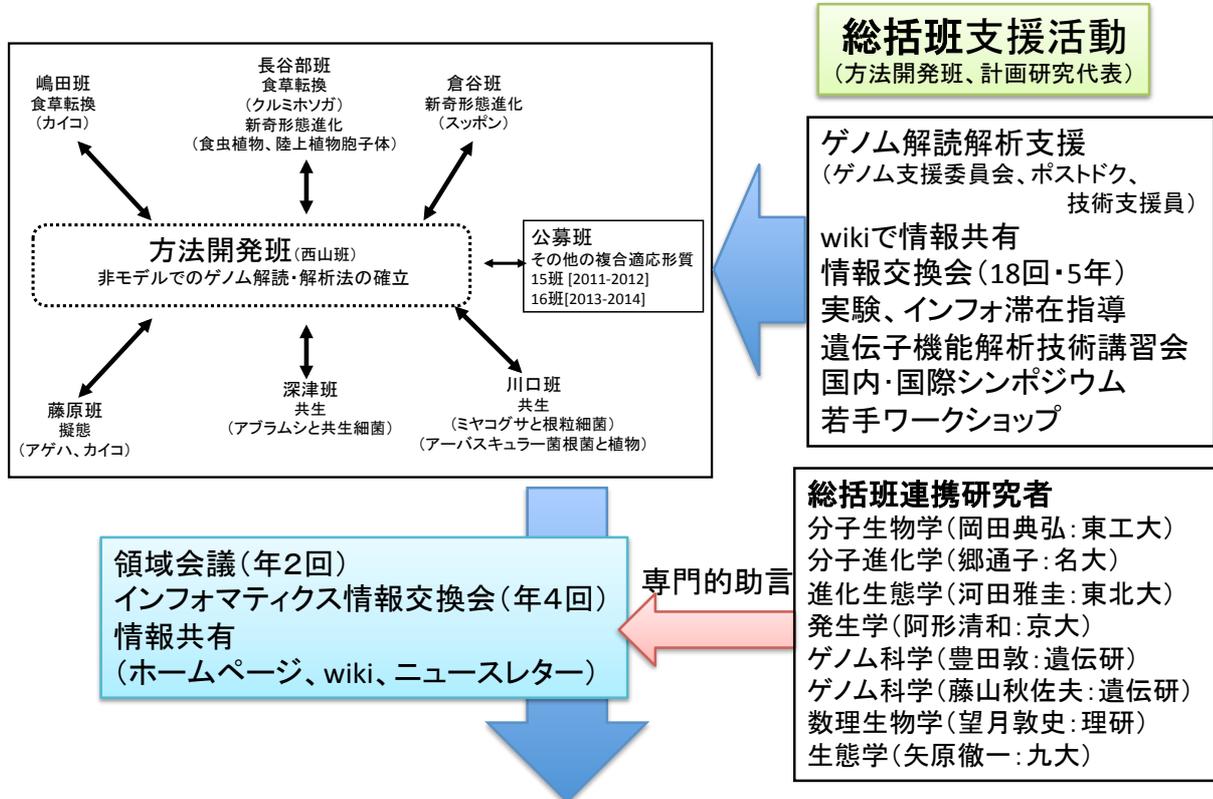
平成23年7月に進化学会、学術会議と共催で一般向け公開講座を行うとともに、班員が分担して合計116回の一般向けの講演を行った。

また、倉谷（計画班）が複合適応形質の中で形態に重点をおいた単行本（倉谷滋著「形態学-形づくりにみる動物進化のシナリオ」〔丸善〕）、黄川田（公募班）がネムリユスリカの乾燥耐性についての単行本（黄川田隆洋著「ネムリユスリカのふしぎな世界」〔ウェッジ〕）を出版した

7. 研究組織（公募研究を含む）と各研究項目の連携状況（2ページ程度）

領域内の計画研究及び公募研究を含んだ研究組織と領域において設定している各研究項目との関係を記述し、どのように研究組織間の連携や計画研究と公募研究の調和を図ってきたか、組織図や図表などを用いて具体的かつ明確に記述してください。

本領域の目的である（1）多様な研究から「複合適応形質進化の共通メカニズム」を推定するという総合的研究を展開する、（2）進化生物学とゲノム生物学を融合させる、を実現するため下記の活動を行い、効率的に連携できた。



複合適応形質進化の共通メカニズムの推定

(1) [領域会議、インフォマティクス情報交換会、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を行ったが、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った。そのため、年2回の領域会議時にはできるだけ時間をとり、議論を深めた（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、コメントを述べていただき、領域を統合した。また、全班参加のインフォマティクス情報交換会を18回・5年、ニュースレターを合計53号（2010年度7号、2011年度13号、2012年度12号、2013年度17号、2014年度14号）web上で発行し、領域内での情報共有、共通意識形成を行った。

(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った。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かったため、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た。従って、全ての班と総括班が連携して共同研究を行い、これまで18編の方法開発班と各班との共同研究論文を出版した。

(2-1) 実験方法支援：当領域では経費の効率的利用のため、SOLiD、Illuminaの新型シーケンサーを保有せず、班員は新学術領域「ゲノム支援（小原代表）」や基礎生物学研究所次世代シーケンサー共同利用研究などに申請し、それぞれのシーケンサーを利用した。申請時は、方法開発班が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をおこなった。本領域で新たに開発した実験・解析手法を平均年4回のインフォマティクス情報交換会で各班の必要性を考慮し、方法開発班から指導を行った。

(2-2) 総括班ゲノム支援：計画班、公募班ともに、班員からゲノム支援申請を受け、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た。実験内容に応じて、領域保有の Pac Bio RS による配列決定、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た。方法開発班で Pac Bio RS を用いた配列決定の専門技術を持つ研究員 1 名を育成し、技術支援員 1 名とともに領域内共同研究専属で活動を行った。

(2-3) 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、基礎生物学研究所所属の重信秀治方法開発班分担者の指導のもと、領域内共同研究専属の研究員と技術支援員が各班員の実験指導を行った。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。

(2-4) インフォマティクス支援：当初計画どおり各班でインフォマティクス担当を決め、担当者会議（インフォマティクス情報交換会）を年 4 回程度（18 回・5 年）開催した。会議時に、若手班員より運営方法について多くの提案があったことから、若手中心の運営会議を発足させ、彼らが自律的にインターネット上の掲示板質問コーナー（https://koke.asrc.kanazawa-u.ac.jp/ECAT_QA/、51 質問、110 回答）、意見交換コーナー（<http://koke.asrc.kanazawa-u.ac.jp/ECATwiki/>、利用者 62 人、200 ページ、783 編集、12,076 閲覧）、プロトコル共有（<http://koke.asrc.kanazawa-u.ac.jp/HOWTO/>、14 件）で各班の問題点を解決していったことは想定外であるとともに、当初予想をはるかに超える効果があがった。さらに、インフォマティクスの基礎について、基生研の重信准教授による基生研滞在型個別実地指導を 22 名、1 人平均 4 日間行った。その結果、ほぼ全ての班で、独自のゲノム解析ができるようになった。また、ゲノム科学の最新情報を共有するとともに、領域での研究成果を領域外に広げるため、5 年間で 7 回のインフォマティクスオープンセミナーを開催した。瀬々班など公募班からの方法開発班への情報提供も有効に機能した。このような情報交換会、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した。

(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、毎年 1 回、実験講習会を開催した。本領域藤原班と新美班で開発した昆虫の RNAi 実験、CRISPR/Cas9 実験系を中心に技術指導・普及を行い、クルマホソガ（長谷部班）、カイコやカイコ近縁種（嶋田班）に適用することが可能となった（Kiuchi et al. 2014 Nature など）。

(4) [各班間の連携状況] 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、領域申請時より、方法開発班と各班との共同研究は計画していたが、各班間の論文発表につながるような共同研究は想定していなかった。しかし、領域会議等を通じた研究交流の成果として、形態形成の数理解析について長谷部班と川口班（Fukushima et al. 2014 Nature Commun.）、ミヤコグサを用いた実験について川口班と瀬戸口班（Wakabayashi et al. 2014 J. Plant Res.）、カイコの突然変異体の原因遺伝子について嶋田班と黄川田班（Wang et al. 2013）、テナガショウジョウバエの行動様式の定量化を松尾班と瀬々班（Setoguchi et al. 2014 J. Ethol.）、マイマイカブリのゲノムサイズ推定に曾田班と將口班（Sota et al. 2013 Entomol. Sci.）の論文が出版された。これらに加え、黄川田班と嶋田班（情報解析法）、新美班と黄川田班（ゲノムサイズ測定）、新美班と深津班（新美班発見の dsx 機能の深津班材料での解析）などで共同研究が進行している。また、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が活発に行われ、当初想定を超えた各班間の連携が行われた。

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 ページ程度）

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総括班研究課題の活動状況と併せて記述してください。

本領域ではゲノム生物学と進化生物学の融合研究を推進することにより新しい学術領域を展開した。どの班もゲノム生物学の実験設備を持たないことから、総括班で必要な設備、試薬を一括購入し、基礎生物学研究所において実験室（約24平米）を借り、方法開発班と領域代表の指導のもと、総括班雇用の博士研究員1名と技術支援員1名が支援活動に従事した。

また、設備の有効活用をするため、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が保有するIlluminaのシーケンサーは購入せず、「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に応募してシーケンスを行うことで効率化できた。外部委託の方が安価な場合は、総括班でアドバイスをを行い、各班が個々に委託解析を行った。

有望な方式であると期待されたが領域開始時には一般発売されていなかったPac Bio RSを国内販売と同時に総括班で購入し、長鎖配列決定を総括班活動として行った。購入後、年間130日程度稼働し、機器メンテナンスの期間を抜くと、ほぼフル稼働した。20%程度の稼働時間を領域外からの依頼に対応した。総括班と方法開発班でPac Bio RSシーケンサー用のライブラリー調整用実験機器を購入し、全て領域活動にほぼ連日、使用した。

総括班でのゲノム支援内容は、班員から提出された研究計画の申請書に基づき、方法開発班（インフォマティクスの実績のあるゲノム生物学者4名から構成）で最適な方法を検討し、ゲノム支援委員会（計画班代表全員と方法開発班全員）で支援の可否を審査した。このプロセスを経ることで、各班での研究目的達成のための効率的配列決定支援が可能となった。

配列データの解析用コンピューターは総括班で一括購入し領域全体で利用した。このことにより個別のグループでは購入困難なアセンブリーに必要な大容量メモリー・ディスクの計算資源を確保した。配列比較等 CPU 中心の解析のためのコンピューターは基礎生物学研究所、国立遺伝学研究所の共同利用に申請し、経費の削減を行った。

・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
22	1分子並列処理 DNA シークエンサー (総括)	米国パシフィックバイオサイエンス社製	1式	99,288,000	99,288,000	基礎生物学研究所
	電動倒立顕微鏡 (川口)	ニコン製 Ti-E-KT21	1式	10,293,885	10,293,885	基礎生物学研究所
	大容量ディスクファイルサーバー (総括)	SGI NFS サーバーなど計6点	1式	9,672,810	9,672,810	基礎生物学研究所
	アコースティックソルビライザー (西山)	米国コバリス社製	1式	7,994,700	7,994,700	金沢大学
23	実体顕微鏡 (藤原)	ライカ M165 FC	1式	2,569,560	2,569,560	東京大学
	大容量メモリー計算システム (総括)	日本 SGI・UV10	1式	9,660,000	9,660,000	基礎生物学研究所
	SGI UV10 大容量メモリーコンピュータ (西山)	2.666Hz 32 core 512GB メモリ 6T デスク	1式	3,885,000	3,885,000	基礎生物学研究所
	ゲノムアセンブル用大容量メモリーサーバ (倉谷)	2CPU モデル	1式	3,144,750	3,144,750	理化学研究所
	高速大容量演算サーバー (西山)	HPC テクノロジーズ	1式	2,499,000	2,499,000	東京大学
	純水・超純水製造装置 (深津)	ミリポア integral 3S バイオタイプ	1式	2,292,570	2,292,570	産業技術総合研究所
24	卓上走査電子顕微鏡 (深津)	日本電子 JCM-6000	1式	6,678,000	6,678,000	産業技術総合研究所
	マイクロチップ型電気泳動装置 (深津)	アジレントテクノロジー Agilent2100	1式	3,272,535	3,272,535	産業技術総合研究所
	電子計算機 (西山)	sgi uv20 システム	1式	2,677,500	2,677,500	金沢大学
	自動核酸分離回収装置 (西山)	Sage Science・SAM FRAC SYS	1式	4,206,600	4,206,600	金沢大学
25	自動 DNA 断片ゲル抽出システム (総括)	BLUEIPPIN, PIPPINPULSE	1式	3,832,500	3,832,500	基礎生物学研究所
	有償アップグレード (総括)	Pac Bio RS	1式	3,339,000	3,339,000	基礎生物学研究所
26	Light Cycler96 System (川口)	ロシュ・ダイアグノスティック Type C	1	3,477,600	3,477,600	基礎生物学研究所
	ファイルサーバー (西山)	VC82630Lv2-4UXPJ 3S	1式	2,629,800	2,629,800	金沢大学

(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 22 年度】

・旅費（特記していない内訳は情報収集・成果発表など）

「総括班」3,843,708 円（国際シンポジウム外国人 3 名招聘旅費 1,456,288 円、シンガポール開催国際会議参加旅費 158,220 円など）；[長谷部] 1,057,860 円（米国国際シンポジウム旅費 1 名分 229,430 円、山形での成果発表旅費 1 名分 89,700 円など）；[倉谷] 626,975 円（東工大成果発表旅費 1 名分 85,120 円、米国成果発表旅費 1 名分 221,935 円など）；[西山] 460,470 円；[深津] 449,127 円（屋久島実験材料採取旅費 1 名分 124,575 円、山形県成果発表旅費 1 名分 54,780 円など）；[川口] 420,040 円（つくば国際会議旅費 1 名分 51,780 円、東大領域会議旅費 1 名分 36,780 円など）；[嶋田] 269,680 円（沖縄研究資料採取旅費 1 名分 72,640 円、神戸領域会議旅費 1 名分 63,540 円など）；[藤原] 85,080 円（東京領域会議旅費 1 名分 37,360 円、神戸領域会議旅費 1 名分 31,700 円など）

・人件費・謝金（特記していない内訳は研究員、研究補助員雇用経費など）

[川口] 5,870,496 円；[嶋田] 2,837,642 円；[長谷部] 2,395,145 円；[藤原] 2,256,288 円；[深津] 2,035,534 円；[西山] 620,695 円；「総括班」14,800 円；[倉谷] 0 円

・その他（特記していない内訳は論文投稿料や修理費など）

[川口] 1,916,080 円（DNA 委託解析費 1,807,800 円を含む）；「総括班」11,767,978 円（DNA 委託解析費 11,581,751 円を含む）；[長谷部] 1,250,013 円（所属機関機器使用料 1,088,740 円を含む）；[嶋田] 865,243 円；[倉谷] 246,038 円；[藤原] 33,640 円；[深津] 22,100 円；[西山] 0 円

【平成 23 年度】

・旅費（特記していない内訳は情報収集・成果発表など）

「総括班」2,767,646 円（領域会議、国際シンポジウム外国人 1 名招聘旅費 692,040 円、インフォマティクスオープンセミナー外国人 1 名招聘旅費 271,143 円など）；[深津] 1,557,620 円（韓国成果発表旅費 1 名分 180,350 円、京都成果発表旅費 1 名分 107,760 円など）；[西山] 1,382,454 円；[長谷部] 1,368,960 円（沖縄領域会議旅費 1 名分 103,920 円、沖縄領域会議旅費 1 名分 61,140 円など）；[嶋田] 1,083,865 円（台湾研究材料採取旅費 1 名分 137,600 円、沖縄領域会議旅費 1 名分 92,980 円など）；[川口] 876,450 円（沖縄領域会議旅費 1 名分 78,140 円、京都成果発表旅費 1 名分 62,280 円）；[倉谷] 609,239 円（中国研究打合せ旅費 1 名分 114,860 円、沖縄領域会議旅費 1 名分 103,980 円など）；[藤原] 534,940 円（沖縄領域会議旅費 1 名分 78,420 円、沖縄領域会議旅費 1 名分 70,600 円など）

・人件費・謝金（特記していない内訳は研究員、研究補助員雇用経費など）

[藤原] 20,409,946 円；[川口] 10,291,271 円；「総括班」8,050,375 円；[長谷部] 6,631,520 円；[嶋田] 4,765,583 円；[西山] 4,638,494 円；[深津] 2,740,370 円；[倉谷] 0 円

・その他（特記していない内訳は論文投稿料や修理費 [深津班のみ高額だったので金額を記載した] など）

「総括班」9,256,889 円（DNA 委託解析費 8,688,750 円を含む）；[長谷部] 2,675,365 円（所属機関機器使用料 2,106,360 円を含む）；[倉谷] 2,834,275 円（DNA 委託解析費 2,830,275 円を含む）；[嶋田] 2,829,405 円；[深津] 1,216,920 円（機器修理費 1,065,907 円を含む）；[川口] 650,278 円；[西山] 365,641 円；[藤原] 364,957 円

【平成 24 年度】

・旅費（特記していない内訳は情報収集・成果発表など）

[深津] 2,029,249 円（台湾成果発表旅費 1 名分 165,294 円、福岡成果発表旅費 1 名分 107,760 円など）；[長谷部] 1,983,957 円；「総括班」1,905,075 円（米国学会情報収集旅費 285,005 円、シンガポール国際シンポジウム旅費 174,520 円など）；[西山] 1,571,140 円；[倉谷] 1,515,640 円（ポルトガル成果発表旅費 1 名分 403,190 円、ポルトガル成果発表旅費 1 名分 758,690 円など）；[嶋田] 1,420,138 円（インド研究材料採取旅費 1 名分 220,140 円、中国成果発表旅費 1 名分 116,810 円など）；[川口] 1,252,740 円（屋久島領域会議旅費 1 名分 95,120 円、屋久島領域会議旅費 1 名分 69,970 円など）；[藤原] 1,017,998 円（シンガポール国際シンポ旅費 1 名分 189,320 円、屋久島領域会議旅費 1 名分 91,480 円）

・人件費・謝金（特記していない内訳は研究員、研究補助員雇用経費など）

[藤原] 16,947,414 円；[長谷部] 14,878,614 円（屋久島領域会議および実験材料収集 182,620 円、滋賀県成果発表旅費 1 名分 114,550 円など）；[川口] 12,799,110 円；「総括班」7,563,197 円；[深津] 6,650,886 円；[西山] 5,939,137 円；[嶋田] 3,965,081 円；[倉谷] 0 円；

・その他（特記していない内訳は論文投稿料や修理費など）

「総括班」12,556,049 円（DNA 委託解析費 11,368,500 円を含む）；[長谷部] 3,858,789 円（DNA 委託解析費 2,191,000 円、所属機関機器使用料 826,700 円を含む）；[嶋田] 2,007,158 円；[藤原] 1,324,802 円（DNA 委託解析費 530,250 円、論文投稿関連経費 451,113 円を含む）；[深津] 1,039,328 円；[倉谷] 566,493 円；[川口] 371,652 円；[西山] 47,000 円

【平成 25 年度】

・旅費（特記していない内訳は情報収集・成果発表など）
「総括班」1,453,770 円（領域会議旅費 1 名分 88,660 円、領域会議旅費 1 名分 63,540 円など）；[川口] 1,308,350 円（北海道研究材料採取旅費 1 名分 105,320 円、富山大成果発表旅費 1 名分 61,060 円など）；[藤原] 1,295,044 円（釧路研究打合せ 1 名分 92,700 円、神戸成果発表旅費 1 名分 80,540 円など）；[長谷部] 1,152,780 円（北海道大成果発表旅費 1 名分 86,700 円、北海道大成果発表旅費 1 名分 76,700 円など）；[西山] 1,125,000 円；[嶋田] 753,210 円（沖縄研究材料採取旅費 1 名分 68,940 円、鳥取領域会議旅費 1 名分 67,480 円など）；[倉谷] 651,530 円（富山大領域会議旅費 1 名分 50,120 円、米国研究打合せ旅費 1 名分 263,310 円など）；[深津] 563,720 円（鳥取領域会議旅費 1 名分 71,100 円、神戸成果発表旅費 1 名分 64,820 円など）

・人件費・謝金（特記していない内訳は研究員、研究補助員雇用経費など）
[長谷部] 13,594,933 円；[川口] 13,547,308 円；[藤原] 13,330,049 円；[深津] 8,718,550 円；「総括班」6,709,230 円；[嶋田] 6,296,601 円；[西山] 3,831,489 円；[倉谷] 0 円

・その他（特記していない内訳は論文投稿料や修理費など）
[倉谷] 2,465,124 円（DNA 委託解析費 906,840 円、投稿料 1,025,575 円を含む）；[嶋田] 1,404,499 円；[川口] 909,898 円；[長谷部] 830,729 円；「総括班」761,285 円；[深津] 606,017 円；[藤原] 507,761 円；[西山] 95,894 円

【平成 26 年度】

・旅費（特記していない内訳は情報収集・成果発表など）
「総括班」1,962,362 円（ドイツより国際シンポジウム講演者招聘旅費 1 名分 782,870 円、ドイツ国際シンポジウム参加旅費 2 名分 438,890 円など）；[倉谷] 1,552,990 円（オーストリア成果発表旅費 1 名分 908,365 円、スペイン成果発表旅費 1 名分 360,430 円など）；[川口] 984,120 円（釧路領域会議旅費 1 名分 105,010 円、釧路領域会議旅費 1 名分 89,510 円など）；[長谷部] 918,692 円（オーストラリア材料収集旅費 1 名分 262,750 円、釧路領域会議旅費 1 名分 98,960 円など）；[西山] 884,430 円；[深津] 853,293 円（台湾成果発表旅費 1 名分 143,994 円、釧路領域会議参加旅費 1 名分 91,919 円など）；[嶋田] 597,290 円（釧路領域会議旅費 1 名分 94,660 円、山形大成果発表旅費 1 名分 73,060 円など）；[藤原] 127,917 円（仙台成果発表旅費 1 名分 60,700 円、仙台成果発表旅費 1 名分 50,200 円など）

・人件費・謝金（特記していない内訳は研究員、研究補助員雇用経費など）
[川口] 10,418,635 円；[藤原] 9,069,186 円；[嶋田] 6,627,247 円；[西山] 5,752,538 円；[深津] 5,523,655 円；「総括班」5,401,560 円；[長谷部] 2,621,235 円；[倉谷] 0 円

・その他（特記していない内訳は論文投稿料や修理費など）
[倉谷] 3,042,423 円（所属機関ゲノム解析委託解析料 2,952,560 円を含む）；[藤原] 1,528,119 円（DNA 委託解析料 572,400 円を含む）；[長谷部] 1,390,621 円；[深津] 928,335 円；[川口] 743,309 円；[嶋田] 358,193 円；「総括班」312,126 円；[西山] 27,216 円

（3）最終年度（平成 26 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。

総括班（19,000,000 円）：総括班で長谷部班のオジギソウのゲノム解読を行う予定であったが、予定していたオジギソウのストレインが結実しないことがわかり、確実に結実する別のストレインを用いることに変更したため（ゲノム解析試薬代 16,700,000 円、担当技術支援員の雇用経費 2,300,000 円）。

長谷部班（6,000,000 円）：コモウセンゴケゲノム解読、トランスクリプトーム解析のためのサンプリングに時間がかかったため（ゲノム解析試薬代：2,000,000 円、担当研究員の雇用経費 4,000,000 円）。

嶋田班（6,300,000 円）エリサンの餌のヒマが育たず、今年度に配列決定を行うため（ゲノム解析試薬代：200,000 円、担当研究員の雇用経費 4,200,000 円、その他 100,000 円）。

藤原班（8,000,000 円）：シロオビアゲハ蛹体色と紋様形成に関わる遺伝子の個体への導入において新規遺伝子導入法を開発し、より効率的に遺伝子導入ができることがわかったが、その技術開発に時間がかかり、遺伝子機能解析を今年度に行うため（試薬代 2,000,000 円、担当研究員の雇用経費 6,000,000 円）。

西山班（2,350,000 円）：超微量組織からのトランスクリプトーム解析を可能にするため、超微量組織由来の cDNA 増幅条件を検討したが、想定以上の不安定性が見られ、条件検討を重ね、検体数を増やしライブラリーを調整し実行出来る目処がたったが、年度内にシーケンシングには到らなかった。このため、27 年度にライブラリーを完成させシーケンシング及び解析を行い、確立した技術を長谷部班のコモウセンゴケのトランスクリプトーム解析に利用する（試薬代 1,650,000 円、担当研究員の雇用経費 650,000 円、成果発表旅費 50,000 円）。

9. 当該学問分野及び関連学問分野への貢献度（1 ページ程度）

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。

進化学の実験材料はゲノム情報がほとんど無く、遺伝子導入が難しく、分子レベルでの表現型進化の機構は未解明のまま残されているものが多い。本研究領域では、複合適応形質に焦点を絞り、ゲノム生物学を進化学と癒合させることで複合適応形質を制御する遺伝子を同定することを可能とした。本領域で開発したゲノム解析、遺伝子導入技術は、他の非モデル生物の研究に有用であり、今後、進化学はもとより、生物学多分野においても、新しい生物材料を用いた研究の進展に貢献できたと考えている。例えば、大インサート長のメイトペアライブラリーは短リードデータを基盤とするゲノム解読で必須となるものであるが、これを安定して作成出来るようになったことで多種のゲノム解読が可能になった。生態ゲノミクスなどの関連分野では極めて有用な技術であり、すでにシロイヌナズナ近縁種、熱帯樹種などのゲノム解読を領域外との共同研究として開始している。Pac Bio RS を用いたシーケンスはその長いリード長ゆえ、今後当面の間はスタンダードとなると予想される方法である。これを実現するためには、高分子高純度の DNA を調整し大インサートのライブラリーを作る技術が一つの鍵となる。本領域において、多くの生物で Pac Bio RS で読めるほどの純度の DNA を調整する技術を培ったことで、作物近縁種など多様な植物のゲノム解読に有効であると予想され、すでにダイズ近縁種について共同研究を開始している。本領域で開発したタグ計数正規化比較法、次世代シーケンサーを用いた効率的な遺伝学的地図の作成法などのインフォマティクス技法は、非モデル生物はもとより、モデル生物のゲノム解析にも有用である。

本研究領域において進化生物学とゲノム生物学を融合し、複合適応形質がどのように進化するかという進化学の残された大問題に対して、異なった複合適応形質について、「複合適応形質を制御する遺伝子」を同定し、それらを比較して総合的に解釈することで、「複合適応形質が少数の多分岐結節点遺伝子の変化によって引き起こされうることを明らかにすることができた。また、複数遺伝子が関わる複合適応形質もあり、その場合には、「祖先集団で複数の遺伝子に突然変異がおこり、それらの変異遺伝子が潜在変異（standing variation）として集団内に蓄積し、交雑によって新たな組み合わせが生じることで複合適応形質が進化する」可能性が高いことを示した。これまで複合適応形質の制御遺伝子がこれだけ数多く同定された例は無く、進化学分野における新しい実験手法と研究の方向性を提示できたと考えられる。今後、複合適応形質進化の研究が活性化されることが期待される。また、本領域における単独の多分岐結節点遺伝子が大きな表現型の変化を引き起こせるという発見は、発生学、幹細胞生物学、ゲノム生物学など関連分野の研究にインパクトを与えるものである。インパクトの高さは、本領域の成果が専門誌はもとより、複数分野を掲載する一般誌にも数多く掲載されていることが実証していると考えられる。

10. 研究計画に参画した若手研究者の成長の状況（1 ページ程度）

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。

生物学のほとんどの分野において、バイオインフォマティクスの技術が必要とされているが、実験とインフォマティクスの両方に精通した研究者は少ない。本領域では、若手研究者が自律的にゲノム生物学と進化学の融合研究を進められるように、(1) 両分野を得意とする若手班員が中心となってインフォマティクス情報交換会を企画し、若手中心の方法開発班で運営を行った、(2) 問題点が生じたときはインターネット上の掲示板質問コーナー (https://koke.asrc.kanazawa-u.ac.jp/ECAT_QA/、51 質問、110 回答)、意見交換コーナー (<http://koke.asrc.kanazawa-u.ac.jp/ECATwiki/>、利用者 62 人、200 ページ、783 編集、12,076 閲覧)、プロトコル共有 (<http://koke.asrc.kanazawa-u.ac.jp/HOWTO/>、14 件) を用いて、若手研究者同士が自主的に交流できる仕組みを構築し有効に機能した、(3) 初期段階で重信班員が基生研で 1 週間程度の個別特訓指導を行った (合計 22 人、平均 4 日間)、(4) ゲノム実験手法については、総括班雇用研究員と技術支援員が基礎生物学研究所において直接指導を行い、約 40 名、各グループ 5 日程度、合計 100 日間の指導を行った。(5) 5 年間で 8 回の若手ワークショップを開催し、若手研究者の交流の機会を作った。その結果、ほぼ全ての班で独自にゲノム関連実験、インフォマティクス解析ができるまでに若手研究者が成長した。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大きく貢献することができた。

若手研究者の研究終了後の動向

領域開始時	領域終了時	人数	領域開始時	領域終了時	人数
大学院生	大学院生	4	学振DC	海外学振	1
大学院生	学振DC	1	学振DC	研究所常勤研究員	1
大学院生	博士研究員	3	博士研究員	博士研究員	6
大学院生	学振PD	3	博士研究員	助教	3
大学院生	研究所常勤研究員	1	博士研究員	講師	1
大学院生	海外学振	1	博士研究員	准教授	1
大学院生	企業研究員	2	学振PD	博士研究員	1
大学院生	助教	2	学振PD	企業研究員	1
大学院生	講師	1	学振PD	助教	1
大学院生	准教授	1	助教	准教授	2
大学院生	学芸員	1	助教	主任研究員	1
			助教	企業研究員	1

本領域に合計 40 人の若手研究者が参画した (上表)。順調に成長していると判断される。領域開始当初から終了まで引き続き博士研究員であった研究者が 6 名いるが、全員が引き続き新規プロジェクトで雇用されている。領域期間に助教 6 名、講師 2 名、准教授 4 名が教育に携わることとなり、ゲノム生物学と進化学の融合がさらに促進されると期待できる。

11. 総括班評価者による評価（2ページ程度）

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。

阿形 清和(京都大学大学院・理学研究科・教授)

ゲノム時代の生物学を牽引する日本のフロント・グループを形成した意義は大きい。中国がお金にものを言わせて世界のゲノム・シーケンスのフロントに立ったのに対し、日本は**生物学的に興味深い現象にターゲットを絞ってゲノム・シーケンスを展開したところが特徴**になっており、**本研究班がシンボリックな存在**となった。特にゲノム解析の対象となる生物が非モデル動物であるため、モデル動物ではないゲノム配列決定というワンランク上の困難な研究にグループとして立ち向かい、多くのノウハウを積み上げた点も評価したい。特に、シーケンスは機械がデータを出すのに対し、その解析能力が結果を左右するだけに、次世代のバイオインフォマティック解析能力のレベルを上げたことは高く評価して良い。また、本研究期間の終盤にはCRISPR/Cas9の遺伝子ターゲティングの系が確立されたこともあり、今回のゲノム配列決定によって飛躍的に研究が進展される素地ができあがっているため今後の発展も大いに期待できる。

郷 通子(長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部・特別客員教授)

本新学術研究領域の最大の特徴は、生物進化において、大問題であった、生物の表現型の進化と分子進化と関連の一端を明らかにしたことである。成功の理由のひとつは、多様な生物を対象にした長谷部代表の生き物に対する観察力とこれまでの優れた研究成果の上に、超高速のDNAシーケンサーの台頭という、**サイエンスとテクノロジーの見事な融和**にある。研究者個人の資質が迅速に進歩する技術を巧みに取り込んで、複合適応形質進化をテーマに、**優れた若手中心の領域を形成**できたことは**優れた組織構成**として高く評価したい。**研究成果の質の高さは世界のトップレベル**である。ゲノムシーケンス解析と密着して、**バイオインフォマティクス分野の若手研究者を育てた**ことも、大きな貢献である。日本における進化学の潮流を形成できたことから、日本の進化学の新しい展開が世界にインパクトを与えることが、時間を追って明らかになるであろう。

豊田 敦(国立遺伝学研究所・生命情報研究センター・特任准教授)

本新学術領域研究の大きな特徴は、進化生物学研究において非常に興味深い、食草転換や擬態、共生などの現象に焦点を当てていること、およびその解析対象の非モデル生物の基盤情報となるゲノム配列の解読を目指していることである。ゲノム情報については、領域内の支援班を中心に**次世代型シーケンサーを効率よく・効果的な運用**をすることにより**着実に成果**をあげており、我が国のゲノム科学の技術水準向上に大きく寄与している。また、それぞれの現象における**発現プロファイル**や**遺伝子ネットワークの解析**から複合適応形質に関する**共通のメカニズム**を明らかにするとともに他の進化生物学研究に有用な技術開発についても大きな成果をあげている。今後、さらに多面的なアプローチによる統合的な解析により世界に先駆けた研究成果に繋がることを期待される。最後に特筆すべき点として、本領域では**インフォマティクスの人材育成**を積極的に進めており、各課題の実験とインフォマティクスが**理想的な融合環境**を構築していることも高く評価できる。

藤山 秋佐夫(国立遺伝学研究所・生命情報研究センター・教授)

本領域は、非モデル生物を研究対象とすることが多く、進化の原動力であるゲノム構造に基づく実証的アプローチがややもすると欠け気味であった進化生物学分野の研究者に、1分子シーケンシング技術やインフォマティクス等を駆使する最新のゲノム研究基盤（及び関連トレーニング）を提供するなどして、「複合適応形質進化」という従来型のアプローチでは解決困難であったダーウィン以来の難題を、異分野の研究者から成る研究組織で協奏的に解こうとする意欲的な計画である。

一方、大規模ゲノム情報を基盤とするゲノム科学自身も変革を続けている。最初の次世代型シーケンサーが出現した2005年以降もゲノム解析技術は急速に進展しており、本領域の設定期間中だけでも1分子シーケンス技術、ゲノム情報解析の大規模化とクラウドコンピュータ利用、ゲノム編集技術の改良等、領域発足時には想定できなかった新手法が誕生している。中間評価時にも述べたが、これらの技術的变化に対し、領域設計に当初から組み込まれていた「総括班ゲノム支援・技術開発活動」が初期の想定以上に有効に機能したことは特筆に値する。若手研究者を中心に研究・支援交流や新技術実習等が積極的に行われ、非モデル生物のゲノム配列決定、情報解析、機能解析等の領域全体に関わる重要な分野で研究の進展に大きな寄与を果たした。大規模データを自在に使いこなす次世代型生物学者が本領域から生まれることを大いに期待させるものである。

新学術領域は、研究費獲得のための研究者の寄せ集めでは研究種目設定の本来の趣旨から外れてしまう。その点、本領域は、研究技術開発と支援とを強力な接着剤とし、各研究班間の連携と協力がうまく進んだ好例となることを示す具体的な成果が幾つも生まれている。個別の研究では進捗状況と成果に差が見られるものの、我が国の研究レベルの高さを世界に示す論文が幾つもトップクラスジャーナルに掲載されたことをはじめ、本領域が生み出した成果と人材の豊かさ等から総合的に判断すると、本研究領域は当初予想以上の成果を挙げたものと評価する。評点としてはA+に相当する。

最後に、本領域の成果がもたらす当該学術領域の将来像については、進化以外の更に広い分野の研究領域を含めた議論が必要である。

望月 敦史(国立研究開発法人理化学研究所・望月理論生物学基幹研究所・主任研究員)

本領域は「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、未完成な段階では非適応的であるような形質」を「複合適応形質」と名付け、そのような表現型形質が進化した原理の解明を目指すものである。大変に挑戦的な課題であるが、ゲノム情報解読の技術を有効に生かすことにより、計画的に大きな成果を挙げることができた。本領域の二つの特徴として、モデル生物に含まれない多様な生物種や生物現象を対象としていること、及びそれら非モデル生物のゲノム情報を解読し解析するための方法の開発と普及に力を入れていること、が挙げられる。これらを領域全体の明確な方針や、組織的支援体制として打ち出すことにより、領域の成果へと具体的につなげることに成功した。計画研究、公募研究のそれぞれが著名な雑誌への論文掲載など、具体的な成果を挙げたことに加え、領域全体の活動により複合適応形質の進化の筋書きが見え始めてきた。すなわち、遺伝子ネットワーク中の重要な遺伝子（多分岐結節点遺伝子）の変化が、複数の形質の同時変化を実現したと考えられる証拠が、複数の生物種で示された。この発見はさらに今後、これらの遺伝子が周囲の遺伝子とどのようなネットワーク構造を形成しているのか、ネットワーク全体としてどのような構造であれば表現型の大きな変化に結び付くのか、というより解析的な研究へと発展していくことが期待される。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が活発に行われたことも、本領域の特徴である。また、国際研究集会を毎年行うなど、個別の論文発表に加えて、領域全体の成果発表を積極的に行ったことも特筆すべき点である。