

平成27年度 新学術領域研究（研究領域提案型）事後評価結果（所見）

研究領域名

複合適応形質進化の遺伝子基盤解明

研究期間

平成22年度～26年度

領域代表者

長谷部 光泰（自然科学研究機構・基礎生物学研究所・教授）

研究領域の概要

従来の進化理論がまだ十分説明できていない問題がある。それは、食草転換、新奇適応形態、擬態、共生など、完成した状態では適応的だが、完成するまでの途中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）がどのように進化しうるのかという問題である。本領域では、複合適応形質を制御する遺伝子を同定し、その進化メカニズムとプロセスを推定することにより、進化の新しい共通理論を導きだすことを目指す。そのために、1分子並列処理シーケンサーなどを活用した新実験研究手法の開発を異なった研究材料を用いる研究者が共同で行い、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すことを目指す。

領域代表者からの報告

1. 研究領域の目的及び意義

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

2. 研究の進展状況及び成果の概要

(1) 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（計画班）において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のための方法を開発し、総括班で開発した方法で各班にゲノ

ム支援を行うとともに、領域外との共同研究も行った。総括班で若手バイオインフォマティクス教育システムを構築し、各班で独自にインフォマティクス解析ができるようにし、領域外にも情報発信した。これらの結果、爬虫類2種、魚類2種、軟体動物2種、昆虫10種、菌類2種、褐虫藻1種、被子植物3種、アーバスキュラー菌根菌1種、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。(2) 昆虫と被子植物に汎用的な新規遺伝子解析法を開発し領域内外に発信した。(3) 新規適応形態、食草転換、擬態、共生などの複合適応形質を制御する遺伝子を同定した。(4) 新規複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク進化メカニズムに関する各班での研究成果を総括した結果、「遺伝子ネットワークの中で多数の遺伝子と結合している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」点が多く、多くの系で共通したメカニズムであることがわかった。(5) 複合適応形質は1つの多分岐結節点遺伝子が増えることで進化する場合があることがわかり、一方、いくつかの遺伝子が関与する場合は、祖先集団内多型が交配によって集団内に固定していくことによって進化する場合があることがわかった。

審査部会における所見

A+ (研究領域の設定目的に照らして、期待以上の成果があった)

1. 総合所見

多様な生物における複合適応形質の分子遺伝学的基盤に関して、戦略的に優れた計画に沿って追求した研究領域である。遺伝子ネットワーク中の多分岐結節点遺伝子の重要性を明らかにしたことや、多くの非モデル生物を研究対象としながらも技術的進展によって遺伝子機能の解析を可能にし、優れた成果に結びつけた点は非常に高く評価できる。ゲノム科学を革新的な手法で進化生物学に本格的に導入し、新しい学術領域の発展に貢献したことは特筆に値する。ゲノムインフォマティクスを中心に、人材育成にも貢献した。

2. 評価の着目点ごとの所見

(1) 研究領域の設定目的の達成度

当初の計画がよく練られており、独自のプログラムでゲノム解読を迅速に進められる体制を整えたことが効果的で、設定目的の全てで高い達成度につながっている。複合適応形質の進化基盤として、多分岐結節点遺伝子の変化による遺伝子ネットワークの組換えが鍵であるという共通原理の抽出は、進化学に一石を投じるものであり、高く評価できる。また、積極的な技術導入により非モデル生物において、ゲノム解析に加えて機能解析を行える実験系をいち早く整備し、優れた論文発表に結びつけた点も特筆すべき成果である。

(2) 研究成果

計画研究・公募研究の多くが複合適応形質の制御遺伝子を同定し、多分岐結節点遺伝子として複合適応形質の進化に関与する可能性を示した点は特筆に値する。研究成果は、多くの国際科学誌において論文報告されており、今後の新たな展開も大いに期待できる。また、本研究領域のホームページを利用したほぼ毎月刊行のニュースレターの発行は、成果の解説手段として大変有効であった。

(3) 研究組織

研究項目 A07 (方法開発班) が中心となって優れた共同研究が行われ、実験系と理論系の研究者の融合が円滑に推進されたことや、総括班が適切に支援活動を進めたことは高く評価される。

(4)研究費の使用

総括班によるゲノム解析の支援体制への支出は、本研究領域の円滑な運営に効果的であった。最終年度における高額機器の購入についても、研究の進展に有効に活用されていると認められる。

(5)当該学問分野、関連学問分野への貢献度

多くの複合適応形質遺伝子の同定並びに単独の多分岐結節点遺伝子が、大きな形質変化をもたらすモデルの提唱は、生物学全般に大きく貢献すると評価される。今後、それぞれの研究分野で成果の発表を進めることで、国際的な普及とリーダーシップの確立が期待される。

(6)若手研究者育成への貢献度

特にバイオインフォマティクス分野において若手研究者の育成に大きく貢献した。