

領域略称名：ゲノム遺伝子相関  
領域番号：3304

平成25年度科学研究費補助金「新学術領域研究  
(研究領域提案型)」に係る中間評価報告書

「ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成」

(領域設定期間)

平成23年度～平成27年度

平成25年 6月

領域代表者 奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・  
教授・高山誠司

# 目 次

1. 研究領域の目的及び概要	3
2. 研究組織（公募研究を含む）と各研究項目の連携状況	5
3. 研究の進展状況	7
4. 若手研究者の育成に関する取組状況	11
5. 研究費の使用状況（設備の有効活用、研究費の効果的使用を含む）	12
6. 総括班評価者による評価	13
7. 主な研究成果（発明及び特許を含む）	15
8. 研究成果の公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開發表等）	18
9. 今後の研究領域の推進方策	25
10. 組織変更等の大幅な計画変更がある場合は当該計画	27

## 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、これまでの研究成果を進展させる場合にはその内容等）を中心に記述してください。

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

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

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

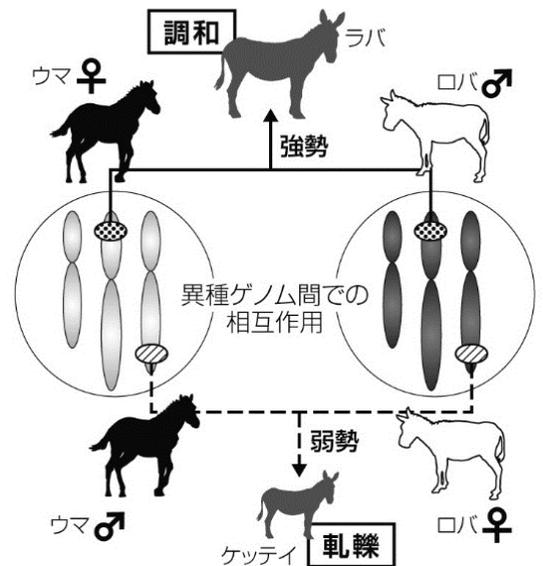


図1. 単純遺伝学のみでは説明できない現象例

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

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

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

ヒトの疾患や生物集団の多様性は、複数の対立遺伝子・遺伝子座が関与する複合遺伝形質として理解され、分子基盤の解明に向けた塩基配列情報の大量取得が急ピッチで進められている。一方で、多様な塩基配列を持つゲノム・遺伝子が、生命現象のどの局面で、どの遺伝子の組合せが、どの様にして軋轢や調和を生み出しているか？という中核部分の理解は不十分である。こうした中、領域代表者は、植物の自家不和合性という自己のゲノムに対し軋轢を示す現象を解析する過程で、「ゲノム・遺伝子相関」の鍵を握ると推察される2つの分子機構の関与を見出した。1つは「エピジェネティック制御」であり、自他識別に関

わる対立遺伝子間の「優劣性」を制御していることを発見した（高山, **Nature** 2010）。もう1つは「遺伝子重複・多様化」であり、自己ゲノム排除に関わる雌側因子（細胞毒）の多様化に合わせて、雄側因子（解毒因子）が遺伝子重複により多様性を獲得し、対抗していることを発見した（図2; 高山, **Science** 2010）。

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

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

### ③ 本新学術領域の目的

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

### ④ 本領域の発展がどのように学術水準の向上・強化につながるか。

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

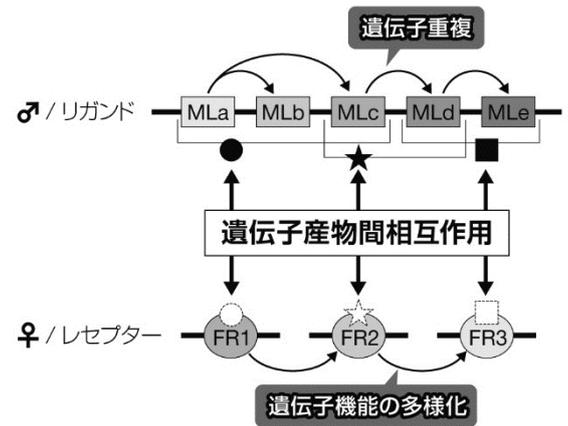


図2. 遺伝子重複による遺伝子機能の多様化

## 2. 研究組織（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、研究組織間の連携状況について図表などを用いて具体的かつ明確に記述してください。

研究材料の生物種、取り扱う現象を超えた共通原理を導き出すことが、本領域の目的であることから、複数の研究項目を立てることは行わなかった。この研究方針の意図を班員が汲み取った結果、図3のように、8つの計画研究班を中心軸とし、22の公募研究班がその枝葉となる形で、多様な共同研究を展開してきた。

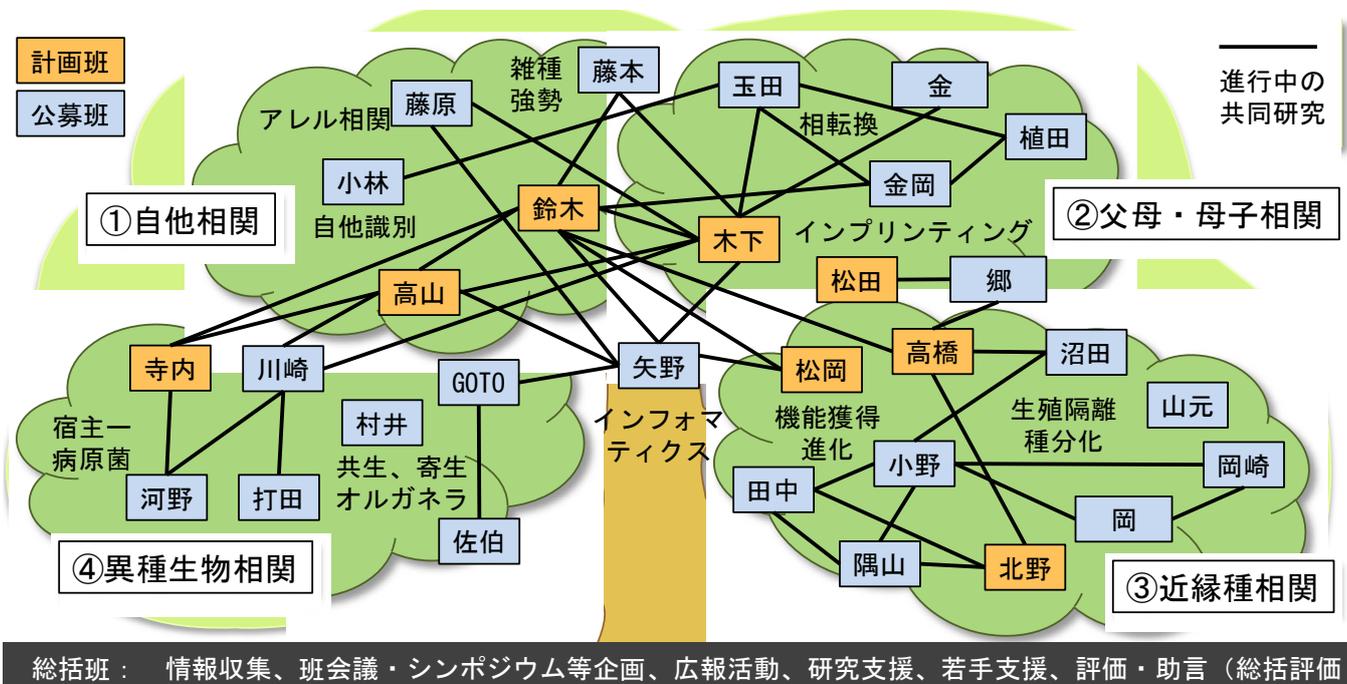


図3. 研究班の担当テーマと各班の連携状況

図3に示す共同研究の中に入っている班員は、28班であり、全体の93%が共同研究に参画している。実際の共同研究数は計35件で、すでに、10報の論文が共同研究の成果として発表されている。この数字はこの領域が「異なる学問分野の研究者が連携して行う共同研究等の推進により、当該研究領域の発展を目指す」、「多様な研究者による新たな視点や手法による共同研究等の推進により、当該研究領域の新たな展開を目指す」というポイントを、各班員に十分に周知できた結果と判断する。以下に詳しく説明する。

### ① 相関現象の枠に基づいた共同研究

個々の班員が扱う相関現象は多岐にわたり、また、扱う生物も動植物から微生物まで広い分類群にまたがるが、班員の研究対象の相関現象を大きく整理分類した結果、4つの相関現象「自他」、「父母・母子」、「近縁種・異集団」、「病原体-宿主」大別することができた。図3から明らかな通り、研究材料・情報の共有や同じ現象の生物間対比といった視点から、この4つの枠内で最も活発な共同研究が進められている。自他相関に関しては5件、父母・母子相関に関しては6件、近縁種間に関しては11件、異種生物間相関に関しては8件、相関現象の枠を超えた共同研究は5件が進行中であり、既に10報は論文化されている。

### ② 背景となるメカニズムに基づく共同研究

領域発足以降、各班員の研究成果や共同研究の成果について複数回の領域会議を開いて活発に議論を重ねた結果、異なる相関現象の背景の分子メカニズムとして、「エピジェネティック」、「遺伝子機能多様化」、

「シス変異」、「遺伝子重複・トランスポゾン」、「染色体変化・倍数化」という共通のメカニズムが見えてきた。すなわち、異なる現象にもメカニズムの点でいくつかの共通性が存在することが明確になってきた。従って、背景となるメカニズムの共通軸によって、現象をまたぐ共同研究も新たに複数発足することとなり活発に進行中である（詳細は「3. 研究の進展状況」の項参照、図4）。「エピジェネティック」に関して6件、「遺伝子機能多様化」に関して12件、「シス変異」に関して5件、「遺伝子重複・トランスポゾン」に関して1件、またこれら分子メカニズムを越えた研究に関して16件、の共同研究が現在進行中である。

例えば、エピジェネティクスに関しては30班中14班における共通原理として見えてつある（図3、図4）。その中で7班（50%）が共同研究を展開しており、すでに発表された共著論文から執筆途中の論文までである。遺伝子機能多様化という側面に関しては、動植物から微生物という多様な材料と、様々な現象として17班で研究進行中であり、そのうちの16班が共同研究を展開しており（図3、図4）、すでに3報の共著論文が報告されている。

### ③ 共通の手法に基づく共同研究

共通原理・機構が存在するということは、同時に、共通の革新的な実験手法を用いることが可能であり、かつその情報の共有が必須であることを意味する。領域内の緊密な情報交換により、例えば、寺内班が開発した MutMap 法（3件）、打田班の homoSNP 法（1件）、矢野班の高速シーケンサーに係る最先端の大規模情報処理手法（6件）、金岡班の最先端ライブイメージング技術（3件）は、生物種や扱う現象を超えて適応可能であることから、領域内に多くの共同研究を生み出すという波及効果があった。また、現在も、高橋班の Fludigm を用いた解析など、他の班員の研究に大きく寄与する技術開発が日々進行中である。このように、多様な研究者によって開発された新しい手法に基づく共同研究が活発に推進されることで、当該研究領域が多いに発展してきた。

### ④ ゲノム遺伝子相関学の確立に向けた領域から外への発信

上記のように相関現象と背景機構の縦軸と横軸に沿った多様な共同研究が複数進行中であり（図4）、領域全体が連動して、ゲノム遺伝子相関学という新しい学問領域の確立に向けて動き出している。本領域の研究者は、扱う分類群も多様で、興味とする現象も多岐であるために、一般の学会では一同に会することが減多にない、いわゆる「異なる学問分野の研究者」である。これらが、一同に介して領域会議を開き活発に議論を繰り広げることで上記のような、現象という縦軸と、メカニズムという横軸に沿った共通性をお互いが見いだし、クロストークを行うことが可能になった。

また、当該領域の班員は単に領域内にとどまることなく、当該研究領域のさらなる発展を目指して進化学会、遺伝学会、分子生物学会、育種学会など、個々の班員が従来からプラットフォームにしていた関連学会で、複数の班員と共同してゲノム遺伝子相関の関連シンポジウムやワークショップを積極的に開き、ゲノム遺伝子相関学の普及・発展を進めてきた。これまでに13件のシンポジウムやワークショップを班員が主催・企画してきたが、そのうちの多くは、複数班員がオーガナイザーあるいはスピーカーとして開催されていることも、班員間の連携が強固に進行していることを明確に示している。

最後に、本領域全体の共同成果として、「異なる学問分野の研究者」が集まって生み出したゲノム遺伝子相関学に関する特集号を日本遺伝学会誌「Genes and Genetic Systems」に「Special issue for “Correlative Gene System”」と題して出版することを企画している。後半の二年半でさらなる成果も期待されることから、実際の執筆・出版はまだ先になるが、現段階から既に、特集号の構成などについて班員間で活発にブレインストーミングを行っており、「異なる学問分野の研究者」の共同成果として、当該研究領域を国内外に広く宣伝していく方向で活動している。

### 3. 研究の進展状況〔設定目的に照らし、研究項目又は計画研究毎に整理する〕（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、現在どこまで研究が進展しているのか記述してください。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、どのように進展したかについて研究項目又は計画研究毎に記述してください。

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

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



図4. 班員が対象とする生命現象とそこから抽出される共通原理・機構

#### ① 自己と他者の認識における「ゲノム・遺伝子相関」

自己認識機構に関しては、そのモデルを植物の自家不和合性に求めることができる。自家不和合性は、同種集団内の近親相姦（自殖）を回避し、遺伝的多様性を維持する仕組みとしても理解されている。メス側因子とオス側因子の相互作用により自他を認識する機構であり、高山班、鈴木班では長年の研究により、自己認識にはSハプロタイプの違いが関わることを示してきた。「ゲノム・遺伝子相関」領域研究の発足に際して、自家不和合性分子機構への理解が領域内外の様々な自己認識機構の理解に繋がると考え、アブラナ科とナス科を材料として研究を進めている。アブラナ科では、S遺伝子座にお互いの組換えが抑制され

たオス因子とメス因子の両方が座乗し、*S* ハプロタイプとして存在する。オス側では、さらに 2 つある対立遺伝子のどちらを使うか優劣性決定が行われ、優性側対立遺伝子 (Class-I 対立遺伝子群) が miRNA を介した DNA メチル化により劣性側対立遺伝子 (Class-II 対立遺伝子群) を抑制することが明らかとなっている (高山, *Nature* 2010)。さらに領域発足後、Class-II 対立遺伝子群の中でも、優劣性が存在すること (高山, *Curr. Opin. Plant Biol.* 2011)、その優劣性決定に第二の miRNA が関わっていることを、鈴木班との共同研究の中から見いだしている (高山, 投稿準備中)。これは、ゲノム遺伝子相関としての「エピジェネティック制御」の重要性を示す好例でもある。なお、同一ゲノム上の miRNA が自己のオス因子の発現を抑制することはなく、「シス変異」の蓄積が確認されている。現在、木下班との共同研究により、モデル植物で本系を再現させて優劣性制御機構の詳細を明らかにすること、また、矢野班との共同研究により、網羅的エピゲノム解析から本機構の普遍性を検証することを目指している。

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

## ② 父母、母子における「ゲノム・遺伝子相関」

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

### ③ 近縁種、種分化・進化過程、大進化過程での「ゲノム・遺伝子相関」

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

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

### ④ 病原菌—宿主間の「ゲノム・遺伝子相関」

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

体の原因遺伝子を迅速に同定する技術 MutMap 法を開発しており（寺内, *Nature Biotechnol.* 2012）、いもち病菌宿主の *Pii* 抵抗性遺伝子の同定に成功（寺内, *New Phytol.* 2013）するとともに、領域内の多くのグループの次世代シーケンサー解析の支援にも寄与している。

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

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

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

**(2) 異なる学問分野の研究者が連携して行う共同研究等の推進により、当該研究領域の発展を目指すもの**  
領域に所属する研究者は、研究対象が、動物、植物、微生物と多様であり、専門も「分子生物学」、「生理学」、「生化学」、「遺伝学」、「進化学」、「バイオインフォマティクス」など多様である。こうした背景の異なる研究者がそれぞれの専門性を活かし討論することで、図3に示す様な全班員の90%以上が参画する共同研究が生まれてきた。この大半が本新学術領域結成後に生まれた新たな共同研究である。

**(3) 多様な研究者による新たな視点や手法による共同研究等の推進により、当該研究領域の新たな展開を目指すもの**

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

**(4) 当該領域の研究の発展が他の研究領域の研究の発展に大きな波及効果をもたらすもの**

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

#### 4. 若手研究者の育成に係る取組状況（1 ページ程度）

領域内の若手研究者の育成に係る取組状況について記述してください。

本新学術領域研究では、若手研究者の自主性と卓越した研究能力の啓発によるキャリア形成を目指して特段の配慮をもって若手研究者育成を行っている。以下にその取り組みと成果を記述する。

・ **若手の会の開催**：本領域では、計画班、公募班ともに所属学会や研究対象が全くことなる研究室が領域編成をしているため、実際に研究結果を目にし、新しい研究手法を模索している若手研究者同士の人的交流が、新しい遺伝学分野形成に必須であると考えている。こうした観点から、若手の会（2012年10月31日～11月2日、エクシブ琵琶湖、滋賀県、参加者67名、2013年は、11月初旬を予定）の企画、運営、招待演者の選定は、若手助教クラスの公募班員に一任し、総括班は実務的なサポートのみに徹した。また、領域の方針に基づき、高山領域代表から大学院時代の何を考えて何を実行したのか、自身の経験談を若手研究者に紹介した。また、OISTの川崎武士博士を招聘し、本領域の若手研究者が共通の重要課題と捉えているゲノム解読の現状について講演して頂いた。

・ **班会議で若手発表**：班会議（2012年6月24～25日、2013年6月2～4日）においても、研究代表者による進捗報告にとどまらず、領域テーマに参画する若手研究者によるポスター発表、口頭発表を行い、自主性を促している。結果として、質疑応答は新進気鋭の若手研究者、学生からの質問が相次ぎ、まさにゲノム・遺伝子相関とは何かを問う若手研究者の姿勢が醸成されつつある。

・ **若手研究者主催、ワークショップ、シンポジウム、国際シンポジウム企画**：総括班では、若手研究者が開催する研究集会に積極的な支援を行っている。2012年には進化学会にて、2013年には、遺伝学会、育種学会にて領域公募班助教、博士研究員がオーガナイザーを務める計4の企画をサポートしている。

・ **領域HPへの学生・院生などの若手研究者の記事掲載**：領域で運営しているHPへの投稿は、研究代表者、分担者、連携研究者に限らず、若手研究者にも開放している。最先端研究を推進した成果を、一般の国民に分かりやすい文章で伝えることの大切さを早い段階で意識してもらえるよう意図している。

・ **大学院生などの若手研究者の受賞**：発足して2年間に、学会発表での受賞歴が10件（日本遺伝学会第84回大会「Best Paper賞」、日本育種学会第122回講演会「優秀発表賞」、日本進化学会第14回東京大会「ポスター賞優秀賞」など）があり、本領域で創成しようとする新しい分野が多く学会等からも注目されていることを示すとともに、若手研究者を奨励する結果となっている。

・ **若手研究者のプロモーション**：この2年間の活動を通じて、7名の若手研究者がプロモーションを得た。

## 5. 研究費の使用状況（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。

### 研究費の使用状況

本領域の発足年度は東日本大震災の年に当たり、復興予算確保のために約3割の予算減額が必要であった。各計画班では、大型機器の購入を見送り、可能な限り共同利用施設を使うこと、領域内での既存の機器類を共有することで対応した。また、領域として、費用対効果の観点からも、新学術領域予算枠の中で最大限の成果が得られるよう勤めている。総括班予算においても、当初は、次世代シーケンサーによるデータ取得と解析を、若手育成、共同研究の円滑な遂行の観点からも領域内で支援することを計画に盛り込んでいたが、各研究班の予算内で執り行うことに変更した。震災による直接の被害も、東北大学や岩手生物工学研究センターを中心に無視できないものであったが、班員間の緊密な連携等により短期的な研究進捗への影響は最低限にとどめられたと判断している。

こうした物的、予算的な制約があることが理由で、全体として設備備品への活用は限られているのが現状である（表1. 2,000千円以上の備品リスト）。若手計画班員は、領域研究遂行のための研究室整備も必要であり、表1のリスト以外にも、実体顕微鏡、人工気象器、次世代シーケンサーデータ解析のためのワークステーション、解析用ソフトウェア等の購入費として使用されている。全体として、設備備品費は低く抑えられているが、逆に相対的に人件費の割合は上昇しており、平成24年の数字を見た時、総括班、計画班全体では、42%である。また、今後の研究計画でも人件費予算額は、増加傾向にある。人件費は、博士研究員などの雇用が主であり、領域の方針である新しい遺伝学分野において世界をリードする若手人材の育成に必要な予算と考えている。その他、消耗費、旅費等もバランス良く執行されている。

総括班の運営に関しても、効果的使用を旨として、多くの領域で発行されているような班員と関連領域向けの「ニュースレター」発行を大幅に見直し、領域発足時に立ち上げたホームページによる領域の成果等のニュース発信のメディアとして大きく活用した。各班員にIDとパスワードを発行し、論文発表、関連集会、アウトリーチ活動を実施した時には、班員ごとに記事、写真などを掲載するシステムを構築し、若手研究者、学生にも成果や情報発信の場として解放している。また、総括班の剰余予算を利用して、領域代表によるインセンティブ予算を設け、領域として必要な共同研究等の支援に活用した。以上のように、本領域では、研究費を効果的に活用している。

表1. 2,000千円以上の購入備品リスト

物品名	仕様、型・性能等	数量	単価	金額
レーザーレスマルチカラー共焦点システム	オプライン社製 LMCS-N	1式	9,645,825	9,645,825
高速多検体電気泳動システム	アジレント2200 Tape Station	1	3,998,295	3,998,295
DNA切断装置	Covaris社 S-series Model S-2 一式	1	7,670,000	7,670,000
高性能マイクロプレートリーダー	Churitsu社 CL96-2	1	4,280,000	4,280,000
ABI PRISM 3100-Avant to 31 (version up)	米国ライフテクノロジーズ社製	1	4,095,000	4,095,000
バイオアナライザ電気泳動	Agilent2100	1	2,957,850	2,957,850
スタックブルインキュベーターシェーカー	NBS製イノーバ 44R	1	2,371,950	2,371,950

## 6. 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。

当領域班評では、総括班委員の岡田典弘（東京工業大学・名誉教授、国立成功大学・教授）、角谷徹二（国立遺伝学研究所・教授）、鳥山欽哉（東北大学・教授）、関原明（理化学研究所・チームリーダー）、森脇和郎（理化学研究所・特別顧問）の5名の先生方に、班会議開催の折に、領域の研究活動や運営方針等に関する指導助言を仰いできた。

以下に、平成25年6月の班会議後に受けた最新の評価・コメントを記載する。

### 東京工業大学・名誉教授、国立成功大学・教授 岡田典弘先生

それぞれ一流の雑誌に論文が出版され今後の発展が期待しうる内容になっている事はきわめて心強い事を感じた。特にインセスト回避などの分子機構の解明などは、エピジェネティックの分野での新しい生物学的な発展として非常に有望なものとして感じた。エピジェネティックは多くの生物現象に深く関わり、現在その重要性がやっと認められてきた其のとば口に当たっている。此の班の研究者がこれまで続けられてきた研究テーマを深化させる事で、更なるエピゲノム分野での新しい生物学的側面が解明される事を期待しています。

### 国立遺伝学研究所・教授 角谷徹二先生

交雑の適合性、宿主と病原体の相互作用、アレル間や重複遺伝子間の相互作用など、遺伝学研究の中で特に興味深い課題に活発にとりくんでいる。班会議の発表や報告書の内容から、現段階では、特に、ゲノミクスを有効に使った研究で迫力のある成果が出ている印象を持った。ゲノム構造および表現型の進化、多様性や環境応答についても分子レベルの結果が出始めている。論文発表も、全体として、評価できるレベルにある。また、動物、植物、微生物と多様な研究材料の研究者が、オーバーラップした方法論と課題について、生産的な議論をできているのがすばらしい。具体的な共同研究もいくつか始まっており、後半に向けて、さらに新しい展開が期待できる。計画班、公募班とも多くの若手研究グループを含む。また「若手の会」がコンスタント開催されている。班内での相互作用をとおして若手の育成も有効に行えていると評価したい。班員によって企画されたシンポジウムやワークショップも多く行われており、他分野へのアピールもできていると考える。以上、当初の目標にむけて、本領域は順調かつ生産的に進展していると評価する。今後も期待したい。

### 東北大学・教授 鳥山欽哉先生

Nature, Science, Cell、及びその姉妹紙をはじめとする多くの国際誌への論文発表も数多くあり、領域としての高い研究能力がここに示されている。また、若手研究者支援ということで、若手の会が毎年開催され、次世代を担う研究者が生物種を越えて交流を行っていることは、将来の本領域、関連領域の研究の推進力になることが期待される。植物、微生物分野では、多くの共同研究が成されており、この2分野間での共同研究も実施されつつある。これに加えて、動物分野も含めた共同研究が活発になれば、さらにこの領域が発展されると考える。班会議での議論が活発であり、特に、共通性のある分子メカニズムについては、生物種を越えての議論が成されているのは、評価できる。この議論を踏まえて、ぜひ、生物種を越える共同研究にも発展してほしい。研究面は概ね順調と考えている。

本領域の特徴であるかもしれないが、積極的で多様なアウトリーチ活動を行っている。このことにより、小中高生が、こうした領域に興味を持つことが想定され、興味深い取り組みといえる。さらに、一方向的

に講義を行うだけでなく、講義後に戻ってくる手紙などに対して、丁寧に個別の返事を書いていることは、これまでのアンケートなどとは異なる手法であり、評価できることから、今後も継続してほしい。

#### 理化学研究所・チームリーダー 関原明先生

「単純遺伝学」ではカバーできない、ゲノム・対立遺伝子間の相互作用（相性）ということに着眼し、領域提案時には、その分子メカニズムとして、「エピジェネティック制御」、「遺伝子重複・多様化」ということから出発していた。それをこの2年間で発展させ、「シス変異」、「トランスポゾン」、「染色体変化・倍數化」という現象がこの領域の共通生命現象に対して、動植物、微生物を越えて関与していることを見いだしていることは評価できる。また、それらに関連した論文発表も活発である。特に、Nature, Cell, Science と姉妹紙にもすでに論文発表しており、高く評価できる。その中には、ゲノム基盤（トマトゲノム解析; Nature, シーラカンスゲノム解析; Nature）、次世代シーケンサーを組み合わせた高速遺伝子単離法（MutMap 法; Nature Biotechnol.）という領域共通に利用できるものから、共同研究（木下-高山-東山; Dev. Cell, 川崎-河野; Cell Host Microbe）としての成果もあることは評価に値する。新学術領域研究のポイントが共同研究であることから、さらに、生物種を越えるような共同研究成果がこれからの3年間で発表されることを期待したい。

アウトリーチ活動は、他領域でよく行われるような市民講座的なものではなく、個別の小中高への出前講義主体で、その内容、数の多さは評価できる。この点も、後半の3年間で継続して頂きたい。

これらの点から本領域は初期の目標に向かって進展していると評価する。

#### 理化学研究所・特別顧問 森脇和郎先生

「ゲノム時代に於ける種の遺伝的分化の意味」

私達は遺伝研で長年ユーラシア大陸の野生マウスを集め、それらの遺伝学的な分化を解明する研究をしてきました。その結果、世界の野生マウス種は、遺伝学的に100万年前に分岐した3群の亜種グループに分けられました。このような遺伝系統学的な亜種分化を基盤として独自の生命機能の解析研究を進めました。野生集団の中には実験用マウス系統では見つからない特異な遺伝子変異が選抜されずに残っている可能性を予想していましたが、日本産野生マウスから高頻度遺伝的組み換え系が早々と見出されたことは幸先よいスタートでした。その後、各亜種グループから育成した近交系統間の雑種の妊性を調べたところ、一つの亜種グループに含まれる雌雄間では正常な仔が出来るが、亜種グループを超えた系統間の交配では正常な妊性を示さない例が見つかりました。ゲノム構造から交配の成立を予測したり、妊性の有無を予測することは出来ないでしょう。交配が成り立つ範囲で比較的遺伝的な隔たりの大きい系統を自然集団から見つけ出し系統化するには時間と労力を要しますが、この種の実験系は、遺伝子の相互作用の研究に役立つと思います。遺伝的な隔たりが大きくなると遺伝子間相互作用に不都合が起こることから推察されるように、一つの亜種グループ内に含まれる個体間の雑種では遺伝子間相互作用の齟齬はめったに起きないと考えられます。見方を変えれば、正常個体はたくさんの遺伝子を持ち、それらが正常の遺伝子間相互作用に関わっていると思われれます。ひとたび遺伝子が見つければそのゲノム構造は忽ち明らかになる今日、正常では変異の少ない遺伝子をその表現形から見つけ出す系が必要です。

## 7. 主な研究成果（発明及び特許を含む）[研究項目毎に計画研究・公募研究の順に整理する]

（3 ページ程度）

現在実施している新学術領域研究（公募研究含む）の研究課題を元に発表した研究成果（発明及び特許を含む）について、図表などを用いて研究項目毎に計画研究・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。

カギ括弧「」内は、ゲノム遺伝子相関として抽出しつつある共通機構共通原理である。

### [計画研究]

<高山班> アブラナ科自家不和合性の対立遺伝子の優劣性（選択発現）に DNA メチル化が関与すること、2 段階の miRNA の「エピジェネティック制御」によって対立遺伝子の選択にさらなる複雑性を加味していることを解明。またナス科の自家不和合性は、「遺伝子重複」によって認識可能な分子種を増やしていること、認識した非自己分子をユビキチン化により機能抑制していることを証明（投稿中）。

<木下班> ゲノムインプリンティングの DNA 脱メチル化による制御機構を解明（高山班との共同研究 *Dev. Cell* 2011）。イネ属種間・倍数体間交雑の結果より、胚乳の発生進行に着目し（松田班との動植物比較解析）、ヒストン結合因子の多様性に鍵があることを発見（北野班との動植物比較解析）。また、転写因子の「遺伝子重複」がインプリント遺伝子の「エピジェネティック制御」の獲得と相関があることを発見（投稿中）。

<松田班> ドワーフハムスターの種間交雑において多数のインプリント遺伝子の発現異常を認め、植物と同様に、雑種異常の背景に「エピジェネティクス」異常の存在を発見（木下班との動植物比較解析）。また、異質四倍体化に伴うゲノム進化について四倍体種と二倍体種のツメガエルを用いて解析し、「遺伝子機能の多様化」や「ゲノム重複」後の遺伝子喪失のパターンを解明（*Heredity* 2013）。

<松岡班> 植物ホルモンのジベレリンと受容体シグナル伝達系が、元々は生殖ホルモンとして機能していたが、陸上植物進化の過程で生長ホルモンの新規機能を獲得したことを解明（*Nature commun.* 2012）。その進化過程での分子種の多様性、受容体の「遺伝子機能多様化」との相関を解明しつつある。また、進化の過程で鍵となる植物種の比較ゲノム、遺伝子発現ネットワークデータベースを構築中（矢野班との共同）。

<鈴木班> アブラナ科植物の種内生殖隔離を促進する不和合現象において、詳細な遺伝学的解析を実施（高山班との共同研究 *G3* 2013）。受容体とリガンドの「遺伝子機能多様化」が新たな相関を生み出す可能性を発見。イネの生殖器官のトランスクリプトーム解析を実施（松岡班との共同研究 *PLoS One* 2011）。「エピジェネティック制御」に関連して、網羅的低分子 RNA 解析を通じ雌雄相関因子を探索中（木下班、矢野班との共同研究）。

<北野班> 日本型イトヨと太平洋型イトヨの雑種不妊の有力な候補遺伝子として、修飾ヒストンに結合する TRIM 類の遺伝子を発見し、「エピジェネティック制御」や「遺伝子機能の多様化」と種分化の関係性を示唆。また、両イトヨ間で発現パターンの異なる低分子 RNA を多数同定し、種間の「エピジェネティック制御」の分化を解明（*BMC Genomics* 2013）し、「性染色体進化」に関する新しい仮説を提唱（*Evolution* 2012）。

<高橋班> 性行動に重要なドーパミン生合成酵素の多様性の遺伝基盤として「シス変異」を解明（*Mol Ecol.* 2011）。さらに、「シス変異」を体系的に解析するために複数のショウジョウバエ集団間雑種を作出し、網羅的 RNA シークエンス解析を実施。これら一連の成果が認められ、平成 24 年度遺伝学会奨励賞を受賞するとともに、遺伝学会雑誌にゲノム遺伝子相関の考えに基づく総説を執筆（*Genes Genet. Syst.* 2013）。

<寺内班> いもち病菌の *AVR-PiK* と宿主の *Pik* に arms race 型の痕跡を見つけ、生化学解析から両者の相互作用を確認（*Plant J.* 2012）。また、いもち病エフェクター候補の 78 遺伝子を網羅的に破壊した実験から、MC69 遺伝子が、いもち病菌の宿主への侵入に必須であることを解明（*PLoS Pathogens* 2012）。また、次世代シーケンサー解析を用いた突然変異体の原因遺伝子の迅速同定技術 MutMap 法を開発し（*Nature Biotechnol.* 2012）、いもち病菌宿主の *Pii* 抵抗性遺伝子を同定するとともに（*New Phytol.* 2013）、領域内の

多くの班の次世代シーケンサー解析の支援にも寄与。

### 【公募研究】

<GOTO 班> ミヤコグサを用いてネコブセンチュウの感染効率が低下する突然変異体の解析から、感染成立への経路の一端を明らかにした。変異体と関連のある遺伝子の候補をネットワーク解析により同定している（矢野班との共同研究）。

<山元班> オス・メスの性行動の性差決定に、脳神経ニューロンで働く遺伝子 *fruitless* の産物が、オス・メス間で異なる「エピジェネティック因子」を誘導することを証明（Cell 2012）。また、雌の交尾受け入れに関わる遺伝子を同定し、求愛行動の種間差の研究基盤と成りうる貴重な情報を得た（Nature Commun. 2013）。

<藤原班> メンデル遺伝に当てはまらない、ヘテロ接合体の子孫にヘテロ接合体ばかり出現する奇妙な現象を発見。1 遺伝子座に支配されるため、原因遺伝子同定により新たな分子機構が理解される可能性がある。

<小林班> バクテリアをモデルに自己と非自己の認識に「エピジェネティック制御」系の関与を示した。エピジェネティック修飾により、遺伝的隔離と遺伝子発現の多様性を誘導し、進化の原動力となっていることを提唱。第3世代シーケンサー（PacBio）を活用してメチルシトシンを読み取る事など新技術利用を企画。

<小野班> 「トランスポゾン」の挿入によってできた、父性インプリント遺伝子が胎盤形成に重要であったという自身の仮説に対して、複数の証拠を集めつつある。胎盤の獲得という哺乳動物におけるエポックメイキングな出来事に関して、進化的、実験生物学的に解析（田中班、隅山班との共同研究）。

<田中班> 脊椎動物の付属肢（手足、ひれ等）は、保存された遺伝子ネットワークによって確立されるにも関わらずその形態は著しく多様である。付属肢のつく位置や形態が特に多様な真骨魚類と四肢動物をモデルに、保存された遺伝子ネットワークにおけるゲノム・エピゲノムの変化を抽出しつつある（Nature 投稿中）。

<藤本班> シロイヌナズナの雑種強勢について、トランスクリプトーム解析から、光合成能の増加との関連を抽出した（PNAS 2012）。ハクサイでは、次世代シーケンサーを用いて F<sub>1</sub> 雑種の転写や「エピジェネティック制御」を解析した。また、QTL-seq 解析の技術や近交系の育成にも力を入れてきた（寺内班、鈴木班との共同研究）。

<金岡班> 異質倍数体であるシロイヌナズナ近縁種を比較し、ゲノム構成ごとの水環境への適応度を明らかにした。さらにトランスクリプトーム解析により、「染色体変化・倍数化」に伴うゲノム・遺伝子相関を抽出している。また、既知の花粉管誘因物質（Mol. Plant 2013）に加えて、受精を保証しゲノムの頑健性に関わる他の因子を探索している

<郷班> ヒトとチンパンジーを対象に両親のゲノムがいかにせめぎ合うか、ゲノム遺伝子相関解析を行った。ゲノムデータが不足しているチンパンジーにおいてゲノム解析おこない、有力なインプリント遺伝子の候補を同定した。鳥類の雑種胚発生異常、チンパンジー亜種の種分化に関して共同研究を展開（松田班、高橋班との共同研究）。

<佐伯班> Nod ファクターを欠損したダイズは通常の根粒形成がおこらない。これに対抗したある根粒菌が3型分泌系を用いて根粒を形成できることを発見した（投稿中）。この新規メカニズムは、「遺伝子機能多様化」に関連して、植物による防御機構に対抗した根粒菌側の進化として興味深い。

<打田班> 植物の形態形成においてリガンドと受容体の新たな関係を発見（NHK テレビ出演、PNAS 2012）同様の解析過程にて、植物免疫に関わる活性型 R 遺伝子の一つ見だし、植物免疫系が活性化されるとゲノム変異が誘導され、「遺伝子機能多様化」の原動力として働いている可能性を発見。

<植田班> 植物の初期胚発生において、父由来と母由来の転写因子の協調により発生軸が決まる（Cur. Opin. Plant Biol. 2012）。受精卵のトランスクリプトーム解析により、この父性と母性因子の下流因子を探索し、多くの候補を得て領域内の連携により遺伝子機能に迫っている（玉田班、金岡班との共同研究）。

<河野班> 植物免疫系において、「遺伝子重複」によってできた二つのペア遺伝子の産物が協調して病原菌エフェクター認識することをつきとめた。病原菌エフェクターと R タンパク質がせめぎ合う際に遺伝子重複によって多様性に対応する手段を得ているという「ゲノム・遺伝子相関」の典型例を提示。また、川崎班との共同研究により病原菌のキチン認識シグナル伝達経路を新たに明らかにした (**Cell Host Microbe** 2013)。

<岡崎班> 母児免疫拒絶のマウスモデルを用いて、免疫抑制受容体 PD-1 および LAG3 の機能を解析した。幅広い系統の組み合わせを解析することにより、「ゲノム機能の多様化」がもたらすコンフリクトを検証した。また、密接に小野班と情報交換することにより、母児免疫で鍵となる胎盤機能を視野に入れた新しい研究展開を図っている。

<村井班> ミトコンドリアと核のゲノムのせめぎ合いを、コムギの細胞質置換システムを用いて検証。レトログレードシグナルとして知られる  $Ca^{2+}$  に関わる因子を同定 (**Planta** 2013)。さらに細胞質置換での花成遅延に関わる遺伝子の解析から、ミトコンドリアが原因で「エピジェネティック制御」が変化する知見を得ている。

<矢野班> イネ、トマトなどのオミックスデータの収集と大規模解析について、多数の研究者との共同研究を進めている (トマトゲノム **Nature** 2012)。領域内でも、多くの班のオミックスデータ処理を効率的に援助している (松岡班、鈴木班、GOTO 班、藤原班との共同研究)。また、バイオインフォマティクス講習会などを多数開催し、若手研究者の育成に力を入れている

<川崎班> 病原菌を認識する受容体の下流のシグナル伝達系は不明な点が多かったが、病原菌エフェクターが標的とする因子の解析から細胞質型受容体様キナーゼなどを同定した (河野班との共同研究 **Cell Host Microbe** 2013)。また、植物免疫と「エピジェネティクス」の両方に関与する因子を同定し (木下班との共同研究)、病原菌感染が引き起こす「ゲノム変異」に関しても新たに研究展開した (打田班との共同研究)

<隅山班> 新たに得たシーラカンスのゲノム情報を軸に、脊椎動物間の比較ゲノム解析により、「遺伝子重複」後、重複遺伝子が機能喪失したにも関わらず、そのシス領域が近傍遺伝子の機能に関与することで「遺伝子新機能」を獲得する例を明らかにした。この成果は、国際共同研究の論文として発表した (**Nature** 2013)。また、進化ゲノム解析を、小野班、田中班、北野班との共同研究により行っている。

<玉田班> コケ植物用い、 $n$  世代と  $2n$  世代への転換点、卵細胞、受精卵でおこるエピジェネティックリプログラミングを解析、また鍵となる転写因子を同定 (**Science** 2013)。エピゲノム情報、遺伝子発現、ライブイメージングを融合させた挑戦的アプローチを展開 (金岡班との共同研究)。顕微鏡技術に関して天体観測で行われている、光学系の揺らぎを解消するシステム (補償光学) を導入。

<沼田班> マウス亜種間雑種におけるトランスクリプトーム解析により、系統間の遺伝子発現差異に着目することによって、雑種崩壊現象のゲノム遺伝子相関に迫っている。アレル特異的発現の新しい解析手法を開発中 (高橋班との共同研究)。また、新規インプリント遺伝子の探索に向けて小野班と情報交換を行う。

<金班> 環境変動に応答した植物のゲノム構造変換に関する研究を進めている。ヒストン脱アセチル化酵素 HDA6 に焦点をあて、同酵素がペリセントロメアのある決まったトランスポゾン様配列を抑制していることを明らかにした。生物ゲノム進化、特に「ゲノムの多様化」とサイズの増大に寄与する可能性を検討。

<岡班> マウス亜種間雑種において異なるゲノムが出会うとエピゲノム修飾変化に現れる可能性がある。これを Chip-Seq 法にて解析し、異種ゲノム領域の「エピゲノム修飾」が異なっている可能性を見つけた。また、小野班との共同研究により、遺伝背景ごとの *PEG10KO* マウスの表現型の違いが、modifier locus による可能性を検討している。

## 8. 研究成果の公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開發表等）（5 ページ程度）

現在実施している新学術領域研究（公募研究含む）の研究課題を元に発表した研究成果（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、計画研究・公募研究毎に順に記載し、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。

### 雑誌ごとに集計した論文発表状況

雑誌名	IF 2012	論文数	雑誌名	IF 2012	論文数
Nature	38.60	2	Curr. Biol.	9.49	2
Nature Biotechnol.	32.44	1	PLoS Genet.	8.52	1
Cell	31.96	1	Curr. Opin. Plant Biol.	8.46	7
Science	31.03	1	Nucleic Acids Res.	8.28	2
Nature Immunol.	26.20	1	PLoS Pathogens	8.14	1
Cell Stem Cell	25.32	1	New Phytol.	6.74	2
Genome Res.	14.40	4	Plant J.	6.58	6
Dev. Cell	12.86	3	Plant Physiol.	6.56	1
PLoS Biol.	12.69	2	Mol. Eco.	6.28	1
Cell Host Microbe	12.61	2	Philos. Trans R. Soc. Lond. B Biol. Sci.	6.23	2
Genes Dev.	12.44	1	Development	6.21	4
Trends Plant Sci.	11.81	1	Mol. Plant	6.13	1
Mol. Biol. Evol.	10.35	4	mBio	5.62	1
Genome Biol.	12.29	1	J. Exp. Bot.	5.24	2
Nature Commun.	10.02	3	Plant Cell Environ.	5.14	1
EMBO J.	9.82	1	RNA	5.09	1
Proc. Natl. Acad. Sci. USA	9.74	6			

総論文数 合計 210 報 （8 計画研究班、22 公募研究班の成果を集計）

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

### 【計画研究】

<高山誠司、東山哲也>

Tarutani, Y., and \*Takayama, S. (2011) Monoallelic gene expression and its mechanisms. *Curr. Opin. Plant Biol.* **14**: 608-613.

Hirai, H., Takai, R., Iwano, M., Nakai, M., Kondo, M., Takayama, S., Isogai, A., \*Che, F.-S. (2011) Glycosylation regulates specific induction of rice immune responses by *Acidovorax avenae* flagellin. *J. Biol. Chem.* **286**: 25519-25530.

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

\*Iwano, M., Ngo, Q.A., Entani, T., Shiba, H., Nagai, T., Miyawaki, A., Isogai, A., Grossniklaus, U., and \*Takayama, S. (2012) Cytoplasmic Ca<sup>2+</sup> changes dynamically during the interaction of the pollen tube with synergid cells. *Development* **139**: 4202-4209.

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

平成 25 年度日本農学賞・第 50 回読売農学賞（高山誠司）

他、論文 17 件、総説 3 件、特許出願 1 件、新聞記事掲載 2 件、国内シンポジウム主催 1 件、アウトリーチ活動 7 件（高校生・大学生インターンシップ、市民講座、中学生実験講座など）

<木下哲、河邊昭>

Ikeda, Y., Kinoshita, Y., Susaki, D., Ikeda, Y., Iwano, M., Takayama, S., Higashiyama, T., Kakutani, T., and

- \*Kinoshita T. (2011) HMG domain containing SSRP1 is required for DNA demethylation and genomic imprinting in *Arabidopsis*. *Dev. Cell* **21**: 589-596.
- #Tsukahara, S., #Kawabe, A., Kobayashi, A., Ito, T., Aizu, T., Shin-i, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Tarutani, Y., and \*Kakutani T. (2012) Centromere-targeted de novo integrations of an LTR retrotransposon of *Arabidopsis lyrata*. *Genes Dev.* **26**: 705-713. (#These authors contributed equally to this work)
- Nakamura, M., Buzas, D.M., Kato, A., Fujita, F., Kurata, N., and \*Kinoshita T. (2013) The role of the *Arabidopsis thaliana* NAR1, a cytosolic iron-sulfur 1 cluster assembly component, in gametophytic gene expression and oxidative stress responses in vegetative tissue. *New Phytol.* (in press)
- Vu, T.M., Nakamura, M., Calarco, J.P., Susaki, D., Lim, P.Q., Kinoshita, T., Higashiyama, T., Martienssen, R.A., and \*Berger F. (2013) RNA-directed DNA methylation regulates parental genomic imprinting in *Arabidopsis*. *Development* (in press)
- 第 21 回木原記念財団学術賞(木下哲), 日本植物生理学会 PCP 論文賞, 日本遺伝学会第 84 回大会 (Best Paper 賞), 日本遺伝学会第 84 回大会 (Best Paper 審査委員特別賞)
- 他、論文 1 件, 総説 3 件, 著書 2 件, 新聞記事掲載 4 件, テレビ放送 1 件, 国内シンポジウム主催 2 件, アウトリーチ活動 1 件(一般公開シンポジウム)
- <松田洋一>
- Shimokawa, K., Kimura-Yoshida, C., Nagai, N., Mukai, K., Matsubara, K., Watanabe, H., Matsuda, Y., Mochida, K., and \*Matsuo, I. (2011) Cell surface heparin sulfate chains regulate local reception of FGF signaling in the mouse embryo. *Dev. Cell* **21**: 257-272.
- Yoshida, K., Terai, Y., Mizoiri, S., Aibara, M., Nishihara, H., 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.
- Uno, Y., Nishida, C., Tarui, H., Ishishita, S., Takagi, C., Nishimura, O., Ishijima, J., Ota, H., Kosaka, A., Matsubara, K., Murakami, Y., Kuratani, S., Ueno, N., Agata, K., and \*Matsuda, Y. (2012) Inference of the protokaryotypes of amniotes and tetrapods and the evolutionary processes of microchromosomes from comparative gene mapping. *PLoS One* **7**: e53027.
- \*Matsubara, K., Kuraku, S., Tarui, H., Nishimura, O., Nishida, C., Agata, K., Kumazawa, Y., Matsuda, Y. (2012) Intra-genomic GC heterogeneity in sauropsids: evolutionary insights from cDNA mapping and GC3 profiling in snake. *BMC Genomics* **13**: 604.
- 他、論文 13 件, 著書 1 件, 国内シンポジウム主催 1 件
- <松岡信、中嶋正敏>
- 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.
- Asano, K., Yamasaki, M., Takuno, S., Miura, K., Katagiri, S., Ito, T., Doi, K., Wu, J., Ebana, K., Matsumoto, T., Innan, H., Kitano, H., Ashikari, M., and \*Matsuoka M. (2011) Artificial selection for a green revolution gene during *japonica* rice domestication. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **108**: 11034-11039.
- Miura, K., Ashikari, M., and \*Matsuoka M. (2011) The role of QTLs in the breeding of high-yielding rice. *Trends Plant Sci.* **16**: 319-326.
- Hirano, K., Kouketu, E., Katoh, H., Aya, K., Ueguchi-Tanaka, M., and \*Matsuoka, M. (2012) The suppressive function of the rice DELLA protein SLR1 is dependent on its transcriptional activation activity. *Plant J.* **71**: 443-453.

他、論文 3 件、新聞記事掲載 3 件

<鈴木剛、諏訪部圭太、渡辺正夫>

#Aya, K., #Suzuki, G., #Suwabe, K., #Hobo, T., Takahashi, H., Shiono, K., Yano, K., Tsutsumi, N., Nakazono, M., Nagamura, Y., \*Matsuoka, M., and \*Watanabe, M. (2011) Comprehensive network analysis of anther-expressed genes in rice by the combination of 33 laser microdissection and 143 spatiotemporal microarrays. *PLoS One* 6: e26162. (#These authors contributed equally to this work.)

Okada, T., Ito, K., Johnson, S.D., Oelkers, K., Suzuki, G., Houben, A., Mukai, Y., \*Koltunow, A.M.G. (2011) Chromosomes carrying meiotic avoidance loci in three apomictic eudicot Hieracium subgenus Pilosella species share structural features with two monocot apomicts. *Plant Physiol.* 157: 1327-1341.

\*Watanabe, M., Suwabe, K., and Suzuki, G. (2012) Molecular genetics, physiology and biology of self-incompatibility in Brassicaceae. *Proc. Jpn. Acad. Ser. B.* 88: 519-535.

Hiroi, K., Sone, M., Sakazono, S., Osaka, M., Masuko-Suzuki, H., Matsuda, T., Suzuki, G., Suwabe, K., and \*Watanabe, M. (2013) Time-lapse imaging of self- and cross-pollination in *Brassica rapa* L. *Annals Bot.* 112: 115-122.

日本育種学会奨励賞(諏訪部圭太), 平成 25 年度科学技術分野の文部科学大臣表彰受賞, 科学技術賞・理解増進部門(渡辺正夫), 日本育種学会第 122 回講演会(優秀発表賞), 第 20 回日本育種学会中部地区談話会(優秀発表賞)

他、論文 14 件、総説 6 件、著書 3 件、新聞記事掲載 29 件、テレビ放送 2 件、国内シンポジウム主催 1 件、アウトリーチ活動 240 件(小中高出前授業, SSH 運営指導委員, 「国際植物の日」国内コーディネーター)

<北野潤、牧野能士>

Yoshida, K. and \*Kitano, J. (2012). The contribution of female meiotic drive to the evolution of neo-sex chromosomes. *Evolution* 66: 3198-3208.

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.

\*Kitano, J., Yoshida, K., and Suzuki, Y. (2013) RNA sequencing reveals small RNAs differentially expressed between incipient Japanese threespine sticklebacks. *BMC Genomics* 14: 214.

Makanae, K., Kintaka, R., Makino, T., Kitano, H., \*Moriya H. (2013) Identification of dosage-sensitive genes in *Saccharomyces cerevisiae* using the genetic tug-of-war method. *Genome Res.* 23: 300-311.

文部科学大臣若手科学者賞(北野潤), 日本進化学会研究奨励賞(牧野能士), 文部科学大臣若手科学者賞(牧野能士)

他、論文 14 件、著書 5 件、新聞記事掲載 3 件、国際シンポジウム主催 1 件、国内シンポジウム主催 5 件、アウトリーチ活動 5 件(高校生研究室見学, 遺伝研一般公開, 公開講演会)

<高橋文、長田直樹>

\*Takahashi, A. and Takano-Shimizu, T. (2011) Divergent enhancer haplotype of ebony on inversion *In(3R)Payne* associated with pigmentation variation in a tropical population of *Drosophila melanogaster*. *Mol. Ecol.* 20: 4277-4287.

Uno, Y. and \*Osada, N. (2011) CpG site degeneration triggered by the loss of functional constraint created a highly polymorphic macaque drug-metabolizing gene, *CYP1A2*. *BMC Evol. Biol.* 11: 283.

\*Osada, N. and Akashi, H. (2012) Mitochondrial-nuclear interactions and accelerated compensatory evolution: Evidence from the primate cytochrome c oxidase complex. *Mol. Biol. Evol.* 29: 337-346.

Higashino, A., Sakate, R., Kameoka, Y., Takahashi, I., Hirata, M., Tanuma, R., Masui, T., Yasutomi, Y., and \*Osada, N. (2012) Whole-genome sequencing and analysis of the Malaysian cynomolgus macaque (*Macaca fascicularis*)

genome. *Genome Biol.* **13**: R58.

日本遺伝学会奨励賞(高橋文)

他、論文 8 件、著書 4 件、国内シンポジウム主催 1 件

<寺内良平、吉田健太郎、齋藤宏昌>

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

\*Saitoh, H., Fujisawa, S., Mitsuoka, C., Ito, A., Hirabuchi, A., Ikeda, K., Irieda, H., Yoshino, K., Yoshida, K., Matsumura, H., Tosa, Y., Win, J., Kamoun, S., Takano Y., and Terauchi R. (2012) Large-scale gene disruption in *Mangaporhte oryzae* identifies MC69, a secreted protein required for infection by monocot and dicot fungal pathogens. *PLoS Pathol.* **8**: e1002711.

Takagi, H., Abe, A., Yoshida, K., Kosugi, S., Natsume, S., Mitsuoka, C., Uemura, A., Utsushi, H., Tamiru, M., Takuno, S., Innan, H., Cano, L., Kamoun, S., and \*Terauchi R. (2013) QTL-seq: Rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. *Plant J.* **74**: 174-183.

Giraldo, M., Dagdas, Y. F., Gupta, Y. K., Mentlak, T. A., Marinez-Rocha, A. L., Saitoh, H., \*Terauchi, R., Talbot N., Valent B. (2013) Two distinct secretion systems facilitate tissue invasion by the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. *Nature Commun.* (in press)

日本育種学会第 121 回講演会(優秀発表賞, 2 件), 日本育種学会第 122 回講演会(優秀発表賞)

他、論文 6 件、総説 2 件

## 【公募研究】

<GOTO Derek、川口正代司、寿崎拓哉>

日本農芸化学会北海道支部 支部奨励賞(GOTO Derek, 2012 年 11 月)

国際シンポジウム主催: “Japan-Australia Symposium on Plant Sciences for Agriculture” (Murdoch University, Perth AUSTRALIA, Dec 11-12, 2013.)

アウトリーチ活動: 根室市立啓雲中学校 3 年生「研究室訪問」他 2 件

<山元大輔>

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

Sakurai, A., Koganezawa, M., Yasunaga, K., Emoto, K., and \*Yamamoto, D. (2013) Select interneuron clusters determine female sexual receptivity in *Drosophila*. *Nature Commun.* (4,1825 DOI:10.1038).

他、論文 3 件、著書 5 件、研究成果が高等学校生物指導資料に掲載、アウトリーチ活動 2 件(高校生対象出前講座、学生・社会人対象サイエンスカフェ)

<藤原徹>

アウトリーチ活動 1 件(高校生対象出前授業)

<小林一三、内山郁夫、佐々木顕、古田芳一、矢野大和>

Lim, K., Furuta, Y., and \*Kobayashi, I. (2012) Large variations in bacterial ribosomal RNA genes. *Mol. Biol. Evol.* **29**: 2937-2948.

Yahara, K., Furuta, Y., Oshima, K., Yoshida, M., Azuma, T., Hattori, M., Uchiyama, I., and \*Kobayashi, I. (2013) Chromosome painting *in silico* in a bacterial species reveals fine population structure. *Mol. Biol. Evol.* **30**:

1454-1464.

他、論文 11 件、著書 3 件、国内シンポジウム主催 4 件、アウトリーチ活動 4 件（公開セミナー・講演など）

<小野竜一、石野史敏>

Iwasaki S., Suzuki S., Pelekanos M., Clark H., Ono R., Shaw G., Renfree MB., Kaneko-Ishino T., \*Ishino F. (2013) Identification of a novel *PNMA-MS1* gene in *Marsupials* suggests the LTR retrotransposon-derived *PNMA* Genes evolved differently in *Marsupials* and *Eutherians*. *DNA Res.* PMID: 23704700.

Wakayama, S., Kohda, T., Obokata, H., Tokoro, M., Li, C., Terashita, Y., Mizutani, E., Nguyen, V.T., Kishigami, S., Ishino F., and \*Wakayama T. (2013) Successful serial recloning in the mouse over multiple generations. *Cell Stem Cell* **12**: 293-297.

他、論文 5 件、アウトリーチ活動 3 件（市民講座、高大連携プログラム、オープンキャンパス）

<田中幹子>

\*Tanaka, M., and Onimaru, K. (2012). Acquisition of the paired fins: a view from the sequential evolution of the lateral plate mesoderm. *Evol. Dev.* **14**: 412-420.

他、原著論文 1 件、総説 1 件、著書 2 件、特許出願 1 件、国内シンポジウム主催 2 件、アウトリーチ活動 2 件（高校生対象出前授業、オープンキャンパス）

<藤本龍>

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

他、論文 4 件、総説 2 件、第 122 回講演会日本育種学会優秀発表賞

<金岡雅浩>

Peterson, K.M., Shyu, C., Burr, C.A., Horst, R.J., Kanaoka, M.M., Omae, M., Sato, Y., and \*Torii, K.U. (2013) *Arabidopsis* homeodomain-leucine zipper IV proteins promote stomatal development and ectopically induce stomata beyond the epidermis. *Development* **140**: 1924-1935.

Okuda, S., Suzuki, T., Kanaoka, M.M., Mori, H., Sasaki, N., \*Higashiyama, T. (2013) Acquisition of LURE-binding activity at the pollen tube tip of *Torenia fournieri*. *Mol. Plant* (DOI: 10.1093/mp/sst050).

他、アウトリーチ活動 2 件（SSH 高校生の研究室受け入れ）

<郷康広、豊田敦>

Hayakawa, T., Sugawara, T., Go, Y., Udono, T., Hirai, H., and \*Imai H. (2012) Eco-geographical diversification of bitter taste receptor genes (*TAS2Rs*) among subspecies of chimpanzees (*Pan troglodytes*). *PLoS ONE* **7**: e43277.

Yamamoto, Y., Watanabe, T., Hoki, Y., Shirane, K., Li, Y., Ichiiyanagi, K., Kuramochi-Miyagawa, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., Oginuma, M., Suzuki, H., Sado, T., Nakano, T., \*Sasaki, H. (2013) Targeted gene silencing in mouse germ cells by insertion of homologous DNA into a piRNA generating locus. *Genome Res.* **23**: 292-299.

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

他、論文 13 件、著書 4 件、新聞記事掲載 6 件、アウトリーチ活動 1 件（公開シンポジウム）

<佐伯和彦>

Takanashi, K., Yokosho, K., Saeki, K., Sugiyama, A., Sato, S., Tabata, S., Ma, J.F., and \*Yazaki, K. (2013) *LjMATE1*: a citrate transporter responsible for iron supply to the nodule infection zone of *Lotus japonicus*. *Plant Cell Physiol.* **54**: 585-594.

他、論文 1 件、アウトリーチ活動 2 件（高校生・市民対象出前講義）

<打田直行、田坂昌生、森田(寺田)美代>

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

\*Morita, M.T., and Nakamura, M. (2012) Dynamic behavior of plastids related to environmental response. *Curr. Opin. Plant Biol.* **15**: 722-728.

他、論文 10 件、総説 4 件、新聞記事掲載 8 件、テレビ・ラジオ放送 3 件

<植田美那子、梅田正明>

\*Ueda, M. and Laux, T. (2012) The origin of the plant body axis. *Cur. Opin. Plant Biol.* **15**: 578-84.

Nobusawa, T., Okushima, Y., Nagata, N., Kojima, M., Sakakibara, H., and \*Umeda, M. (2013) Synthesis of very-long-chain fatty acids in the epidermis controls plant organ growth by restricting cell proliferation. *PLoS Biol.* **11**: e1001531.

他、論文 4 件、総説 1 件、新聞記事掲載 6 件、国内シンポジウム主催 1 件

<河野洋治>

Akamatsu, A., Wong, H.-L., Fujiwara, M., Okuda, J., Nishide, K., Uno, K., Imai, K., Umemura, K., Kawasaki, T., Kawano, Y., \*Shimamoto K (2013) An OsCEBiP/OsCERK1-OsRacGEF1-OsRac1 module is an essential early component of chitin-induced rice immunity. *Cell Host Microbe* **13**: 347-357.

他、論文 4 件、国際シンポジウム主催 1 件 (Local Organizing Committee)

<岡崎拓、岡崎一美>

Iwamoto, S., Kido, M., Aoki, N., Nishiura, H., Maruoka, R., Ikeda, A., Okazaki, T., Chiba, T., \*Watanabe, N. (2013) TNF- $\alpha$  is essential in the induction of fatal autoimmune hepatitis in mice through upregulation of hepatic CCL20 expression. *Clin. Immunol.* **146**: 15-25.

Chikuma, S., Suita, N., Okazaki, I. M., Shibayama, S., and \*Honjo, T. (2012) TRIM28 prevents autoinflammatory T cell development in vivo. *Nature Immunol.* **13**: 596-603.

他、国内シンポジウム主催 2 件、アウトリーチ活動 1 件 (公開シンポジウム)

<村井耕二>

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

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

<矢野健太郎>

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

他、論文 5 件、総説 1 件、国内シンポジウム主催 3 件、アウトリーチ活動 4 件 (公開セミナー・ワークショップ、高校生対象出前講義)

<川崎努>

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

Akamatsu, A., Wong, H.-L., Fujiwara, M., Okuda, J., Nishide, K., Uno, K., Imai, K., Umemura, K., Kawasaki, T., Kawano, Y., \*Shimamoto K (2013) An OsCEBiP/OsCERK1-OsRacGEF1-OsRac1 module is an essential early

component of chitin-induced rice immunity. *Cell Host Microbe* **13**: 347-357.

他、論文 4 件、総説 3 件、新聞記事掲載 4 件、国内シンポジウム主催 1 件

<隅山健太>

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

第 17 回(2012 年度)日本細胞生物学会論文賞 CSF Award

他、論文 2 件、著書 1 件、新聞記事掲載 3 件、国内シンポジウム主催 1 件、アウトリーチ活動 1 件(市民一般公開)

<玉田洋介、木村宏、重信秀治、榊原恵子、長谷部光泰>

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

他、論文 3 件、著書 4 件、新聞記事掲載 8 件、アウトリーチ活動 3 件、国内シンポジウム主催 3 件

国際雑誌 *Plant Cell Physiol.* 特集号 Guest Editor, “Special Focus Issue: Plant Epigenetics”

<沼田興治>

Ikeda, R., Shiura, H., Numata, K., Sugimoto, M., Kondo, M., Mise, N., Suzuki, M., Greally, J.M., \*Abe, K. (2013) Large male germ cell-specific hypomethylated DNA domains with unique genomic and epigenomic features on the mouse X chromosome. *DNA Res.* (in press)

<金鍾明>

Kim, J. M., To, T. K., Matsui, A., Ishida, J., and Seki, M. (2012) Transition of chromatin status during the process of recover from drought stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol.* **53**: 847-856.

他、論文 1 件、著書 1 件、特許出願 1 件、アウトリーチ活動 2 件(子供向け稲作体験会、一般公開セミナー)

<岡彩子>

Oka, A. and Shiroishi, T. (2012) "The role of the X chromosome in house mouse speciation", *Evolution of the House Mouse*, Cambridge University Press, pp. 431-454.

アウトリーチ活動 1 件：国立遺伝学研究所 一般公開(モデル動物としてのマウス系統の展示と説明)

## 9. 今後の研究領域の推進方策（2ページ程度）

今後どのように領域研究を推進していく予定であるか、研究領域の推進方策について記述してください。また、領域研究を推進する上で問題点がある場合は、その問題点と今後の対応策についても記述してください。また、目標達成に向け、不足していると考えているスキルを有する研究者の公募班での重点的な補充や国内外の研究者との連携による組織の強化についても記述してください。

本領域研究では、引き続き「ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成」を目指し、領域内での共同研究を強力に推進する。発足して約2年足らずの現在までは、多くの分野にまたがる研究領域であることが理解されたことから、共通性のある各論・研究テーマごとに議論の醸成が必要であった。この2年間の研究醸成により、徐々に共同研究が展開されはじめ、このことから各論がカバーする研究テーマが増えつつある。その結果、本領域がカバーしているすべての生命現象に共通原理・機構あるいは、その多様性が見えつつある。こうした現状を踏まえ、今後は本領域として、さらに各研究班の研究推進を図るとともに、見えつつあるキーワードを軸とした議論を重ね、これまで以上の共同研究展開に繋げることで、さらなる本領域研究の質的向上を目指す。

### <総括班>

総括班では、班会議、若手の会、関連集会の運営、サポートを行い、領域としての活動に対して、より一層の内容充実を図る。具体的には、総括班員等が中心となって、領域に対する広い視野と見識に基づき、会議等での議論を、これまで以上にリードする。最終年度の取りまとめに向けて、質の高い議論を通じて分野を超えた「ゲノム・遺伝子相関」の共通機構、原理の解明に向けたサポート、基盤構築を行う。また、広報活動や領域内外のコミュニケーションのために、領域ホームページのブログを通じての情報発信を全班員に徹底する。さらに、質の高いアウトリーチ活動をこれまで以上に実施し、アウトリーチ活動の必要性・重要性を領域内外に啓蒙する。

### <計画班>

領域内共同研究を活発化させるのはもちろんのことであるが、動・植物、微生物の分野を超えた、未発表データの綿密な情報交換を行う事により、個々の研究の質の向上に繋げる。例えば、動・植物に共通の現象であるゲノムインプリンティングや種分化、ゲノム進化などのテーマでは、その研究材料の違いから、実質的な共同研究には発展しにくいのが、相互比較によりお互いに研究進捗のヒントが、これまでも数多く得られている。最終年度には、本領域の活動を通じて得られた先端の研究内容を含めた国内外の関連分野の現状をとりまとめ、日本遺伝学会学会誌、Genes & Genetic Systems に特集号に抄録を編集・執筆することを計画している。

### <公募班>

引き続き、本領域の計画研究班の研究内容を補完、強化でき、共同研究を推進できる班員を平成25年度秋に公募し、さらに本領域の研究水準を高め、領域研究の推進を図る。実際には、「雑種強勢」、「領域共通の新技术開発」などをターゲットとする。

以上のことを踏まえて、現時点で、平成25年度以降に予定・企画が決定している主な領域としての活動は以下のとおりである。総括班・班会議、若手の会は各年度で必ず開催する。

### <平成 25 年度若手の会>

開催日：平成 25 年 10 月 28～11 月 1 日、開催場所：北海道支笏湖周辺

領域内の若手研究者のみならず、関連分野の若手研究者の参加も受け入れることで、領域内外に「ゲノム・遺伝子相関」の成果を還元するとともに、若手研究者の相互交流を深める。また、今年度の若手の会の特別企画として、GOTO Derek 班員（北海道大学）による、若手研究者、学生への英語でのプレゼンテーションに関して、講義と実践ワークショップを行う予定である。日本の学会における発表と、海外での発表の違い、情報交換の際の違いを、自身の経験論を踏まえて授業を行う予定である。こうした英語プレゼンテーションのトレーニングを通じて、国際的な研究領域をリードする若手研究者の育成を図る。

### <平成 26 年度総括班・班会議>

開催日：平成 26 年 6 月 22～24 日、開催場所：東京大学一条ホール

平成 25 年度に行われた研究活動などの情報交換を行い、平成 26 年度の方向性について、新しく加わった公募班員を含めて、個別の研究について検討する。さらに、班会議などから見えてきた領域研究の共通原理、機構の知見に基づいて、班員間の有機的連携を奨励し、領域として共同研究を推進し、サポートする。

### <平成 27 年度国際シンポジウム>

開催日：未定、開催場所：奈良県新公会堂（予定）

領域内の代表的研究者、国内外から領域に関連した研究についてのフロントランナーを結集し、本研究領域の集大成として国際シンポジウムを計画している。「分子生物学」、「生理学」、「生化学」、「遺伝学」、「進化学」、「バイオインフォマティクス」の枠をこえた新しい遺伝学分野の提示を計画している。

### <出版物、情報発信>

班員間の情報交換の基盤となる、班員名簿、班会議要旨集、若手の会要旨集、年度末業績集をこれまで通り発刊する。また、領域のホームページを活用し、研究成果の情報発信、アウトリーチ活動報告など、関連研究者だけでなく、広く国民にも理解しやすいホームページ作成を心がける。

### <Genes & Genetic Systems に特集号として、抄録の編集・執筆>

本研究領域のこれまでの個別研究、共同研究により、「遺伝子・ゲノム相関」を司る基本原理となる分子メカニズムとして「エピジェネティック」、「遺伝子機能多様化」、「シス変異」、「遺伝子重複・トランスポゾン」、「染色体変化・倍数化」の 5 つのメカニズムが明らかになりつつあり、最終年度までには、さらなる展開も予想される。こうした研究成果をまとめて抄録として報告することは重要である。さらに、それらを個別でなく、特定の雑誌にまとまった形で発表することの方がより効果的と考え、特集号として編纂可能な日本遺伝学会誌、Genes and Genetic Systems に「Special issue for “Correlative Gene System”」と題して、先端の研究内容と関連領域のことを抄録する。

**10. 組織変更等の大幅な計画変更がある場合は当該計画（研究代表者の変更は真にやむを得ない場合に限る）（2～5ページ程度）【非公開】※本欄に記載の計画研究については、全て3年度目の審査の対象となります。**

領域内の計画研究の研究代表者の交替や組織体制に大幅な変更がある場合（新しく計画研究を追加する場合や既存の計画研究を廃止する場合、領域全体の交付予定額の範囲内で各計画研究の研究経費を変更する場合（計画研究に係る経費を減額し、公募研究に係る経費を増額する場合等））には必ず記入してください。その際、以下の点を含めてください。

- ・計画研究を追加する場合は、追加の必要性、その計画研究が領域内で果たす役割、他の計画研究への影響等
- ・計画研究を廃止する場合は、廃止の理由、当該計画研究を廃止しても領域として支障がないことの説明等
- ・研究代表者の交替の場合は、交替の必要性、新旧の研究組織の異なる点（組織構成、領域内で果たす役割等）、新たに研究代表者になろうとする者が、旧研究代表者に替わって研究を実施できることの根拠、妥当性及びその者の研究業績等
- ・計画研究に係る経費と公募研究に係る経費の額の変更については、その必要性、1回目の公募研究の応募・採択状況等（公募研究に係る経費を減額して計画研究に係る経費を増額する変更は真にやむを得ない場合に限る。また、公募研究の規模に係る最低基準を下回らないこと。）
- ・以上の各変更に伴う他の計画研究の研究経費の変更及びその妥当性等

該当なし