

令和 6 年 5 月 23 日現在

機関番号：14401

研究種目：挑戦的研究(萌芽)

研究期間：2020～2023

課題番号：20K21814

研究課題名(和文)「模様を見ない」模様解析 モデルベース定量化から知る多様性認知バイアス

研究課題名(英文) Pattern analysis without seeing patterns: Understanding diversity recognition bias through model-based quantification

研究代表者

宮澤 清太 (MIYAZAWA, Seita)

大阪大学・大学院生命機能研究科・特任准教授(常勤)

研究者番号：10377905

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 5,000,000円

研究成果の概要(和文)：動物の体表模様など、生物に見られるパターンを観察するとき、我々は無意識のうちにそれらを識別し、分類しています。パターンの違いは誰の目にも「見ればわかる」ように感じられるため、「他種とまったく異なる模様パターン」が観察された場合、新種/別種であることを示す強い根拠であると考えられる傾向にありました。本研究課題では、「模様を見ない」(=主観・直感に頼らない)模様定量化手法の検討を行いました。模様パターンの解析と系統解析とを照らし合わせることで、我々の直感的なパターン識別や多様性認知にバイアスが潜む可能性が示唆されました。

研究成果の学術的意義や社会的意義

生物多様性を客観的に捉え、認識する上では、対象となる形質を定量的に評価する基準が不可欠です。動物体表の模様パターンのような複雑な形質について、研究者の経験や「目」に頼らない、客観的・定量的な基準の可能性を新たに提示したという意味で、本研究で検討したパターン定量化手法は意義をもつと考えられます。本研究の成果をもとに、より高次の形質に対しても適用できるようになれば、これら形質の多様性を生み出すゲノム基盤へのアプローチも可能となり、生物多様性の構造や進化プロセスに対する我々の認識にも変革がもたらされると期待されます。

研究成果の概要(英文)：When observing patterns found in nature, such as animal body surface patterns, we unconsciously identify and classify them. Since differences in patterns seem to be "visually apparent" to anyone, there has been a tendency to consider "completely different color patterns" as solid evidence of a new or different species. In this research project, we explored a method of pattern quantification that does not rely on visual inspection (i.e., subjective intuition). By combining pattern analysis with phylogenetic analyses, it was suggested that there may be some biases in our intuitive pattern recognition and diversity perception.

研究分野：生物多様性・進化

キーワード：模様パターン

様式 C-19、F-19-1、Z-19（共通）

1. 研究開始当初の背景

(1) 動物の体表模様は、生物の多様性を視覚的に体感できる鮮やかな形質の1つである。交配嗜好や擬態など適応的にも大きな意義をもち、種の同定・認識の重要なキーとなることも多い。我々ヒトはパターンを無意識のうちに識別・分類しており、模様パターンの違いは誰の目にも「見ればわかる」ように感じられる。このため、模様パターンの「明らかな違い」は種判別の重要なポイントの1つと見做され、「他種とまったく異なる模様パターン」が観察された場合には、新種／別種であることを示す強い根拠となると直感的に考えられてきた。

(2) 一方、模様パターンの形成原理に関する数理モデルを用いた研究から、「まったく異なる」ように見える模様パターンが実は近い関係にあること、模様パターンを「混ぜる」ことで新しいパターンを作れること、などの新たな知見が近年明らかになってきている (Miyazawa et al. 2010, *Nat. Commun.*、宮澤 2012, *生物科学*)。これらの知見は、我々が模様を見る「見方」に無意識のバイアスが働いている可能性を示していると考えられる。

(3) 模様パターンは「見ればわかる」と考えられていたがために、生物多様性の分野においてはこれまで客観的・定量的に評価する方法が確立されておらず、多くの場合において個々の研究者の「模様の見方」、すなわち、主観的・恣意的な判断基準や経験等に頼って識別・記載が行われてきたという現状にあった。

2. 研究の目的

本研究では、前項で記述したような従来の「模様の見方」を新たにするべく、パターン形成の数理モデルにもとづいた客観的・定量的な模様パターンの解析法を確立することを目指した。さらに、パターン定量データとオミクスデータとをあわせて解析することで、体表模様パターンの多様性を生み出すメカニズムや進化プロセス、それらの遺伝的基盤を解明し、これまで「見えていないのに見逃していた」生物多様性に関する我々の認知バイアスをあぶり出すことに挑戦した。

3. 研究の方法

前項の目的のため、脊椎動物の中でもとくに多彩な体表模様パターンをもつ魚類を対象として以下の研究を行った。

(1) 模様パターン定量解析法の検討

模様パターンを定量的に解析する手法の確立を目指し、数理モデルや機械学習を活用した解析手法の検討とシステムの構築を試みた。また、主観的・直感的な従来の「模様の見方」にもとづくパターン評価を実施するためのシステムを構築し、魚類体表模様パターンの評価を行った。

(2) 実際の生物を対象とした模様パターン解析およびゲノム解析

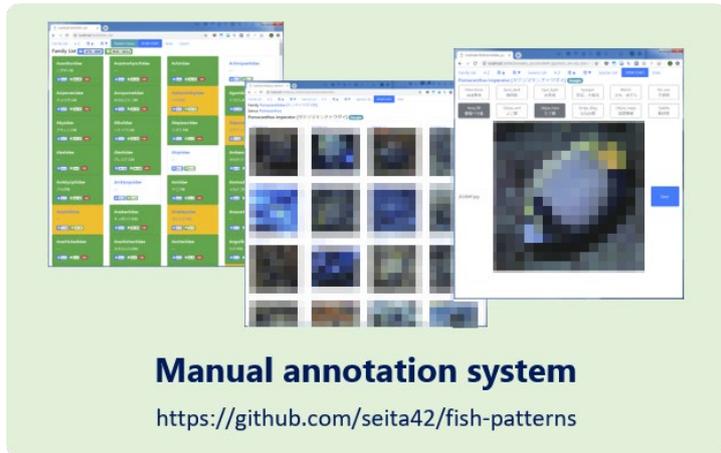
多様な模様パターンをもつ魚種を含む魚類分類群の実際の画像データや、シミュレーションにより生成した模様パターンデータを対象として定量解析法の評価を行った。また、ゲノム解析の手法を用いて実際の生物の系統／集団構造を明らかにすることで、主観的・直感的なパターン識別や分類体系との比較を試みた。

4. 研究成果

(1) 主観的・直感的な「模様の見方」にもとづくパターン評価を行うためのマニュアルアノテーションシステムを実装した(図)。

これを用いて、数万魚種を対象にパターン評価を実施した。直感的な模様パターン分類としてこれまでよく用いられている11のパターンモチーフ(斑点、縞模様、目玉模様等)に着目し、魚類系統の中でこれらのモチーフがそれぞれどのように分布しているかを可視化した。さらに、系統的な共起の傾向を解析することで、モチーフ間の関係性を数値化することを試みた。

これらの解析から、我々の目には「似ている」ように見えるパターンモチーフ同士が必ずしも近い関係性にあるわけではないこと、「ぜんぜん違う」ように見えるモチーフが意外にも近い関係性にある可能性があること、等を見出した。



(2) 模様パターンの複雑度など、複数のパターン定量指標(Miyazawa et al. 2010)にもとづき、パターン領域の抽出・前処理からパターン指標値の計測まで半自動的に処理を行うパターン定量システムを実装した。これを用いて、独自に収集した標本や、博物館収蔵標本、水族館などの協力施設から取得した画像をもとにパターン指標値の計測を行った。これらの解析から、代表的な模様パターンについてパターンの連続的な関係性を的確に捉えることに成功した。

(3) 多くの魚類中で頻出し直感的にも識別が容易であると考えられるパターンモチーフに着目し、系統情報を用いた解析から、モチーフポートフォリオがどのように遷移しやすいかを明らかにした。また、代表的なモチーフポートフォリオをもつ特定の魚種グループを対象に模様パターンとゲノム情報とを合わせた解析を行い、有効種として記載されていた複数の魚種について見直しが必要である可能性を初めて明らかにした。さらに、グループ内・グループ間の模様パターンの共通性や差異と集団構造との関連についての解析から、一見まったく異なるように見える模様パターンの中に機構的な関連性が存在する可能性を明らかにした。

<引用文献>

① Miyazawa, S., Okamoto, M., & Kondo, S. (2010) Blending of animal colour patterns by hybridization. *Nature Communications*, 1(1), 66. <https://doi.org/10.1038/ncomms1071>

② 宮澤清太、(2012) 動物の模様を「混ぜる」とどうなるか?、*生物科学*、63(3)、149-156.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 2件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 宮澤 清太	4. 巻 92
2. 論文標題 魚の体表模様の多様性を探る	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 科学	6. 最初と最後の頁 974-981
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kondo Shigeru, Watanabe Masakatsu, Miyazawa Seita	4. 巻 379
2. 論文標題 Studies of Turing pattern formation in zebrafish skin	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences	6. 最初と最後の頁 20200274
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1098/rsta.2020.0274	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Miyazawa Seita	4. 巻 6
2. 論文標題 Pattern blending enriches the diversity of animal colorations	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 eabb9107
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/sciadv.abb9107	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計7件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 2件）

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 フグ科魚類の体表模様と種間交雑
3. 学会等名 第38回個体群生態学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚の虫食い模様が生まれるしくみを考える
3. 学会等名 新潟大学 形の科学研究センター シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Seita Miyazawa
2. 発表標題 Can "pattern blending" cause speciation through hybridization?
3. 学会等名 Gordon Research Conference Speciation (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚類体表模様パターンへの系統比較法適用の試み
3. 学会等名 日本進化学会第23回オンライン大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Seita Miyazawa
2. 発表標題 How fish got their complex color patterns
3. 学会等名 The 2nd AsiaEvo Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 Patterns and Phylogeny of Arothron Pufferfish
3. 学会等名 日本進化学会第22回オンライン大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚類模様パターンデータベースの構築と活用
3. 学会等名 日本動物学会第94回大会
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Miyazawa Seita, Watanabe Masakatsu, Kondo Shigeru	4. 発行年 2021年
2. 出版社 Springer, Singapore	5. 総ページ数 484
3. 書名 Pigments, Pigment Cells and Pigment Patterns (Hashimoto, H., Goda, M., Futahashi, R., Kelsh, R., Akiyama, T. Eds.)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>動物のふしぎな模様、どうしてできる？ https://www.fbs.osaka-u.ac.jp/ja/research_results/papers/detail/1011</p>
--

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------