



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～平成26年度（5年間）

自然科学研究機構・基礎生物学研究所・教授 はせべみつやす 長谷部光泰

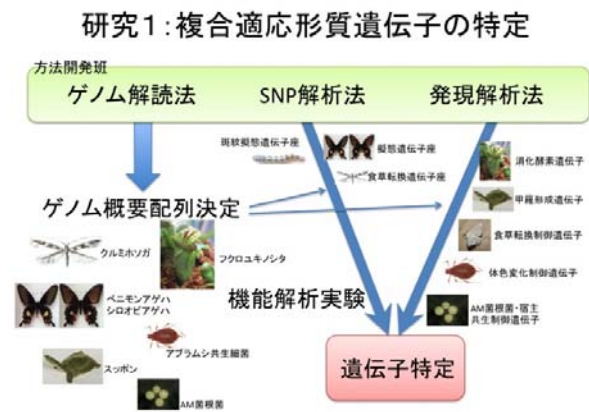
【本領域の目的】

自然選択理論、中立理論を始めとする既存の進化理論がまだ取り込むことに成功し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すことを目指す。

【本領域の内容】

複合適応形質がどのように進化したかを明らかにするために、第一に複合適応形質を制御する遺伝子を明らかにする。



第二に、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。第三に、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、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。以上より、「複合適応形質」がどのような遺伝子ネットワークの変化によって新生されたのかを明らかにし、それらの比較解析によって、共通に存在する進化メカニズムを推定することを目指す。

研究2: 遺伝子ネットワーク進化メカニズム

方法開発班 発現連関解析法 直接ターゲット解析法 (ChIP-seq)

遺伝子制御ネットワークの構築

他の遺伝子制御ネットワークとの比較

既存遺伝子系の流用のメカニズム

新奇遺伝子系の創成のメカニズム

多機能遺伝子による表現型の同時変化の可能性

発生過程の自己組織化の可能性

研究3: 遺伝子ネットワーク進化プロセス (どのような道筋で変わったか)

祖先集団内多型 (standing variation)? : クルミホソガの食草転換 (集団内多型解析: 長谷部)

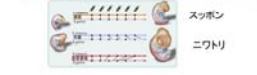


多機能分子に何らかの突然変異が蓄積する? (カイコBmAcj6遺伝子の進化: 嶋田)

種内遺伝子ネットワーク比較 (藤原)



種間遺伝子ネットワーク比較 (倉谷)



【期待される成果】

これまで技術的問題から、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。

【キーワード】

複合適応形質：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。