

1. 研究領域名：比較ゲノム解析による進化・多様性のゲノム基盤の解明

2. 研究期間：平成16年度～平成21年度

3. 領域代表者：藤山 秋佐夫（情報・システム研究機構・国立情報学研究所・学術研究情報研究系・教授）

4. 領域代表者からの報告

(1) 研究領域の目的及び意義

ゲノム科学は、医学、生物学、情報科学、工学、農学など広範囲な研究分野からなる融合的研究領域であり、21世紀の生命科学を支える重要な柱の一つである。「比較ゲノム解析による進化・多様性のゲノム基盤の解明」特定領域研究は、地球上に多様な生物システムをもたらすもとなつたゲノムの構造・機能上の諸要因を、比較ゲノムの立場から解明することを領域全体の目標とし、平成16年度に設置されたものである。このため本研究領域には、生物の系統関係や多様性の点で重要な生物種を対象に、ゲノム配列解析や発現解析などを体系的に行い、生命に進化と多様化をもたらしたゲノム構造上の原因を明らかにする、霊長類ゲノムの特定領域の配列解析や発現解析を推進し、ヒトへの進化のゲノム基盤の解明をめざす、ゲノム機能・発生システムの多様化のメカニズムについて比較ゲノム解析による先端的研究を行う、複数の生物種と外部環境が関わる環境適応や寄生・共生などの複雑なシステムに対し、ゲノム相互作用の観点からの研究開拓を行う、ゲノムの構造情報と研究リソースの計画的な整備と、大規模ゲノム配列比較のための技術開発や理論研究の推進を目的とした研究項目を設定した。研究班の構成にあたっては、広範囲な分野の研究者が融合連携しながら研究を進める、特定領域研究にふさわしい領域設計となるよう留意した。また、「比較ゲノム」領域全体の研究推進に必須な、大規模データ作成やリソース整備、情報解析など、高度な技術と経験を要する研究支援を行う目的で、支援班を設置した。

(2) 研究の進展状況及び成果の概要

本領域では微生物から霊長類までの重要な生物種のゲノム解読を積極的に推進し比較ゲノム解析を進めている。また、そのための情報処理技術で特筆すべきアルゴリズムが開発された。

研究項目 B01：比較ゲノム解析による進化プロセスの解明では、脊索動物の比較ゲノム研究から、脊索動物の進化と脊椎動物の起源に関する重要な知見が得られ、また、生物の多細胞化と細胞機能分化に関する研究においても、今後の1-2年で大きな進展が期待できる段階に達した。

研究項目 B02：ヒトへの進化をもたらしたゲノム構造変化の解析では、霊長類、特にヒトとチンパンジーゲノムとの比較によりゲノム構造の進化に関する重要な知見が得られた。また、行動を含む高次な表現形質に対応する遺伝子群の系統的な検索が順調に進んでいる。

研究項目 B03：基軸モデル動物・植物の近縁種ゲノムの解析によるシステム比較では、小型魚類、昆虫、単細胞緑藻、蘚類のゲノム解読が進展し、ゲノム構造から種の特異性や多様化のメカニズム解明につながる知識基盤の構築が進んでいる。

研究項目 B04：生物相互作用のゲノム基盤の解明では、マメ科植物の根粒や、葉緑体の共生が確立する過程、また土壌中の微生物間相互作用の解明に向けた研究が進んでいる。

研究項目 B05：比較ゲノム解析推進のための情報技術開発及び理論研究では、大規模で類似性の低いゲノム配列の比較を可能にする新しいソフトウェアや、ゲノム配列のアラインメント法、制御領域のモデル化法と発見法の開発が進んでいる。

5. 審査部会における所見

A（現行のまま推進すればよい）

本研究領域は研究対象が多様であるにもかかわらず、領域代表者の強いリーダーシップにより、複数の生物間の比較研究が着実に進んでいる。特にホヤ、ナメクジウオをはじめとする比較ゲノムについては、予想以上に発展し進化研究の流れに新しい視点を提供した。今後、ゲノム情報をもとにした生命進化研究の根本となる概念や理論の確立に進展することが期待される。これまでの研究成果は着実に論文発表されている。国際共同研究においても順調に成果を上げている。多数の比較ゲノムデータが得られると予想されるので、数学者や情報科学者をさらに活用して、これまでの生命科学の範囲を超えるような新しい概念や理論を確立することが望まれる。