

【新学術領域研究（研究領域提案型）】 生物系



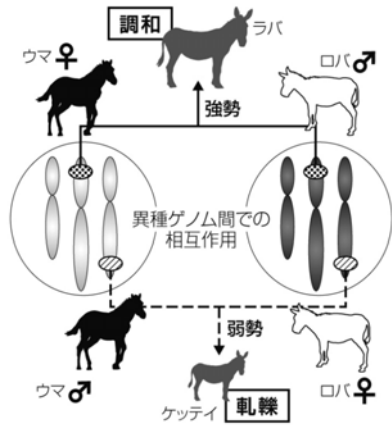
研究領域名 ゲノム・遺伝子相関：新しい遺伝学分野の創成

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

たかやま せいじ
高山 誠司

【本領域の目的】

今日の生物学は、均一化されたゲノムを持つ扱いやすいモデル生物を中心に発展してきた。一方、自然界の生物集団は多様なゲノムやエピゲノム構成を持ち、それらが複雑に絡み合う「遺伝子間相互作用」を介して表現型が決定されるため、従来の遺伝学では解の得られない様な生命現象がしばしば観察される。身近な例として、メス馬とオスロバから生まれる雑種のラバは、体が大きく家畜として優れているが、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。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・エピゲノム間の相互作用の結果生じると推察されるが、その実体は明らかでない。



単純遺伝学のみでは説明できない現象例

本領域では、このよう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。

【本領域の内容】

本領域研究では、多様な生物種を対象に、ゲノムの組合せにより個体内あるいは個体間に生じる「ゲノム・遺伝子相関」の実体を分子レベルで解明し、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。

「ゲノム・遺伝子相関」は、あらゆる生命現象に潜在的に関わるが、特に、先のラバとケッティの例の様に、異種ゲノムが会合する有性生殖の場において、調和あるいは軋轢（コンフリクト）という形で表に現れてくる。従って、配偶子選択、種分化、インプリンティング、雑種強勢・弱勢など有性生殖に関連する現象は、本領域における一つ

の中心的研究課題となる。

また、「ゲノム・遺伝子相関」は、異種生物が出会う際にも、親和性あるいは非親和性といった形でその存在がみえてくる。宿主と病原菌の相互作用や共生といった現象も主要な研究対象である。

個々の現象に含まれる「ゲノム・遺伝子相関」の実体を明らかにする中で、それらに含まれる共通機構・原理を追求していく。「遺伝子重複」やエピジェネティック制御などのキーワードで代表される基本的仕組みの関与が期待される。さらに、「ゲノム・遺伝子相関」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、新たな遺伝学分野の創成を目指す。

【期待される成果と意義】

多くの生物種のゲノム解読が進む一方、遺伝子と表現型との関係は極めて非直線的で、生物に対する理解は余り進んでこない。また、もともと複数の遺伝子座の関与が予測された遺伝的習慣病や有用農業形質などの解明はさらに難航している。この原因の一つに、我々が「ゲノム・遺伝子相関」の実体をきちんと把握できていないことが考えられる。本領域研究によりその実体が系統的に把握されれば、生物の基礎的理解に貢献するのみならず、育種や生態保全といった応用分野にも貢献することが期待される。

【キーワード】

ゲノム・遺伝子相関：生物集団内の多様なゲノム、エピゲノム情報の相互作用を介して生物の多様性、複雑性を生み出す分子機構
エピゲノム：DNA やヒストン上への修飾により後成的遺伝子発現制御を受けたゲノムの状態

【研究期間と研究経費】

平成23年度－27年度

1, 217, 000千円

【ホームページ等】

<http://www.ige.tohoku.ac.jp/prg/genetics/takayama@bs.naist.jp>