

# ROIS 戦略的研究プロジェクト 成果報告会

## 研究課題名：

日本を象徴する重要生物種の分子研究と保全を加速させる生命情報基盤の構築

English Title: Fueling Molecular Biology and Conservation of Japan's Iconic Organisms

### 研究カテゴリー

- \_未来投資(新分野・新領域開拓)
- \_異分野融合(複合分野・多機関との共同研究推進)
- \_地球規模課題・社会課題(喫緊の課題への対応)

2025年4月20日

研究代表者

所属 国立遺伝学研究所

氏名 工樂樹洋

# 1. 背景と研究目的

## 日本に「生物多様性ゲノミクス」を興す

### ◆ 背景と研究目的

ゲノム、すなわち、細胞あたりの1セットのDNA配列情報を読み取ることは、その生物種を対象とした分子レベルの包括的な研究アプローチを利用可能にするいわばライセンスのようなものである。ゲノム情報を手にすることにより、その生物種の進化的な来歴を解き明かすことが可能になり、他生物との比較を介してその種に特有の生命現象を理解する糸口をも提供する。さらに、種内の複数個体のゲノムDNA配列上の変異の情報を加味すると、集団内の遺伝的な多様性を定量することができる。遺伝的多様性を把握することにより、集団の状態を察知し、種の存続の可能性を評価することが可能となる。本計画では、日本に生息する生物種のうち、多方面からの関心が強い生物に注目し、種の保全やそれぞれの生物「らしさ」の分子基盤を解き明かす研究の基盤となる生命情報プラットフォームを構築する。

### ◆ 国内外の類似・競合する研究との関係

生物多様性の損失は、地球温暖化と並んで、地球規模の課題として広く認識されるに至った。本課題に対するゲノミクスからの抜本的な対策は日本では遅れていたが、環境省下の環境研究総合推進費によるプロジェクト「保全ゲノミクスによる保護増殖事業対象種の存続可能性評価」が立ち上がっており、当戦略的研究プロジェクトとは連携関係にある。この環境省下のプロジェクトが、希少であり保護の対象となっている生物種を対象とするという明確な方針を掲げていることを意識し、当戦略的研究プロジェクトでは、保護対象となっていないが、食料や生命科学の研究対象として日本で基盤を整える重要性が高いと考えられる生物種を対象とすることとし、さらに、今後より多くの種でのデータ取得が効率よく行われるよう、汎用技術運用のためのノウハウの伝播に注力する。

### ◆ 本研究の意義

本研究では、実験動物などの伝統的なバイオリソースを用いた遺伝学研究の既存の枠を超えて、野生生物を対象とした生命システムの理解及び集団遺伝構造についての包括的情報取得を目指すことにより、遺伝学の実用性を示し、生物多様性の損失という、地球規模の課題の解決に貢献する姿勢をより明確に打ち出すことを目指す。本計画で得られる成果物(ゲノム情報)は、それ自体が論文出版の対象でありながら、他の複数の研究プロジェクトにも即座に利用可能なものである。本計画の進捗や成果は多様な媒体で積極的に発信し、広く社会へ届ける構想である。情緒的かつ局所的になりがちな生物多様性の理解について、遺伝学的見地からの取り組みを伝えることにより、我々ヒト集団そのものの遺伝的多様性やゲノム情報についての国民全体のリテラシーを向上させる効果も期待される。

## 2. 研究の概要

<p>1) 研究の概要</p>	<p>生物多様性の損失は、地球温暖化と併せて、世界規模の社会的課題と認識されて久しい。しかし、日本では、生物学的見地からこの課題へ挑むような実効的対策が遅れており、これに挑むためには、政治や産業界からの動きとともに、学術的見地からの抜本的な対応が求められている。そこで、本計画では、否が応でも日本で手を打たなければいけない日本特有の生物種のうち、多方面からの関心が強い生物に注目し、それらについて、種の保全に加えて後続の分子レベルの研究の基盤となる生命情報プラットフォームを構築する。</p>												
<p>2) 実施計画・実績</p>	<p>2022年度</p>	<p>2023年度</p>	<p>2024年度</p>										
	<p>FS (Feasibility Study) ★5月 FS採択審査会 ★2月 FS評価審査会(本研究採択)</p>	<p>本研究 ★ 1年目実績評価</p>	<p>★11月 2年目成果報告会 ★ 最終成果報告</p>										
<table border="1"> <tr> <td data-bbox="104 748 270 805">費用 (千円)</td> <td data-bbox="270 748 389 805">予算</td> <td data-bbox="389 748 1080 805">1000</td> <td data-bbox="1080 748 1775 805">2850</td> <td data-bbox="1775 748 2466 805">2400</td> </tr> <tr> <td></td> <td data-bbox="270 805 389 862">執行</td> <td data-bbox="389 805 1080 862">1000</td> <td data-bbox="1080 805 1775 862">2850</td> <td data-bbox="1775 805 2466 862">2400</td> </tr> </table>	費用 (千円)	予算	1000	2850	2400		執行	1000	2850	2400	<p>実施者 (所属機関) 代表者: 工樂 樹洋 (国立遺伝学研究所) 共同研究者: 白澤健太・磯部祥子(かずさDNA研究所)、平瀬祥太郎(東大水産実験所)、山下寛人(静岡大学) クリュコフ キリル(ROIS-DS)、中濱直之(兵庫県立大)、川本祥子(国立遺伝学研究所)</p>		
費用 (千円)	予算	1000	2850	2400									
	執行	1000	2850	2400									
<p>3) 研究成果の概要</p>	<p>日本の生物相をゲノム情報の視点で把握するための情報源として、絶滅が危惧される生物種のゲノム情報の整備状況を総覧できるウェブサーバを構築した。生物学的興味や生体試料の入手性を考慮して、新規ゲノム情報整備の対象として動物・植物を跨いだ5つの種を選定し、高精度ロングリード技術に基づく染色体規模のゲノム配列情報の取得を進めた。うち水産対象種でありながら分子研究が非常に手薄なサンマについて果たした論文出版に続き、種ごとのゲノムの特徴を探る解析を進め、各生物の分子レベルの研究を促進するデータ提供体制を確立した。世界で先制的に進められている多様な生物のゲノム情報取得の流れを汲み、日本の文化を象徴する種のゲノム解析を推進するWashoku BioGenome コンソーシアムを設立し、蓄積したゲノム情報取得ノウハウの共有に努めた。</p>												