

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： ゲノム・遺伝子倍化が駆動する植物分子の新機能の探索とデザイン

2. 個人研究者名

赤木 剛士（岡山大学学術研究院環境生命自然科学学域 教授）

3. 事後評価結果

本研究課題では、ナス科のトマトやマタタビ科のキウイフルーツの果実成熟システムが、古ゲノム・遺伝子倍化により駆動されたと考えられる点に着目し、進化モデルや機械学習を融合した独自の AI を利用したアプローチにより、ゲノム進化のメカニズムの解明に取り組んだ。

まず、遺伝子発現制御ネットワークをプロモーター配列 (cis 因子) からモデル化する AI プラットフォームを構築した。ついで、新規のタンパク質機能分子 (trans 因子) を同定するための AI を用いた進化的アプローチの方法を開発した。この方法で、マタタビ属が、古ゲノム倍化によって獲得し、正の適応選択圧を受けたと推定できる系統特異的な 10 個のタンパク質機能因子の同定に成功した。

また、カキノキ科のカキの六倍体化における性表現の両全性への回帰や、マタタビ科のサルナシの連続的倍数化に従う単為結果性の獲得など、それぞれ独立した生殖現象の変化の鍵となる分子の同定にも成功している。特に注目すべきは、これらの独立した進化の過程で、エピゲノム状態の連続的推移と倍数性の上昇に応じて、サイトカイニンシグナルの受容性が上昇することを示した点である。倍数化による直接的な定向進化要因の候補として植物ホルモンであるサイトカイニンの役割を明らかにしたことは、植物科学の新しい研究領域を拓く成果として高く評価できる。

さらに、マタタビ属・カキ属・マンテマ属のパンゲノム解読により、高頻繁で起こるネオ性染色体の進化や、巨大 Y 染色体の早急な進化がいずれも系統特異的なゲノム重複・転移因子に由来し、形質獲得だけでなく、他殖性・染色体構造進化においても植物特異的なゲノム倍化性が鍵となっている可能性を示した点も大きな成果である。これらの成果はすでに何編もの論文として出版されている。

本研究者がさがけ研究を実施するのは 2 回目であり、前領域においても顕著な成果を挙げてきたが、本領域内ではさらに研究テーマを大きく展開でき、研究者としてさらなる高みに登ったと感じられる。ゲノム科学と情報科学の手法を高いレベルで縦横に使いこなす独創的手法では国内外に競合相手が無く、この領域では独壇場といってよい。着々とインパクトの高い成果を発信し続けている。

領域内では他の多くの研究者との間で共同研究を推進するだけでなく、アドバイザーとしての役割を果たし、領域全体の研究推進に特段の役割を果たしてきた。その卓越した研究成果は国外ですでに高く評価されていることは国際会議へ頻回に招待されていることから窺える。研究期間中に教授に昇任するとともに、2022 年度に学術変革領域 A に採択され、その領域代表を務めるなど研究者としての大きな飛躍につながった。本領域の研究成果を基に、独自に開拓しつつある研究領域をさらに拡張深化させながら、引き続き研究を進め、その成果がいずれ作物への実装につながることを期待したい。