学術変革領域研究 (A)

共進化表現型創発：延長された表現型の分子機構解明

Co-evolutionary Emergence of Extended Phenotypes

CEEP Newsletter

Vol. 1 No. 3 (2024)

領域キックオフシンポジウム報告

表紙　勝間進領域代表による領域概要説明の様子（2024年8月6日 東京大学農学部弥生講堂にて）

令和 6-10 年度 文部科学省科学研究費補助金 学術変革領域研究（A）

共進化表現型創発
延長された表現型の分子機構解明
Co-evolutionary Emergence of Extended Phenotypes

キックオフシンポジウム

2024 年 8 月 6 日（火） 13:00 ~ 17:15

東京大学農学部弥生講堂内一条ホール（ハイブリッド形式）

参加登録　無料
参加登録締切　7 月下旬

参加登録はこちら
https://docs.google.com/forms/d/e/1FAIpQLSd8Dd2Po-AGV39pFcI4d5D2CMmrRL38xZCr4jfSqHBwIQRmpA/viewform

【プログラム】

12:15~	受付開始	
13:00~13:30	領域概要と公募研究の説明	領域代表　勝間 進（東京大）
13:30~	各計画研究班の概要	
A01 行動操作		
13:30~13:50	勝間 進（東京大）	「ウイルスによる宿主行動操作の分子機構解明」
13:50~14:10	佐藤 拓哉（京都大）	「寄生虫による宿主行動操作の分子機構解明」
14:10~14:30	西川 義文（帯広畜産大）	「トキソプラズマ原虫による宿主行動操作の分子機構解明」
A02 生殖操作		
14:45~15:05	陰山 大輔（農研機構）	「細胞内共生体による昆虫の性操作ーその多様性と機能の基盤解明」
15:05~15:25	春本 敏之（京都大）	「昆虫共生体による性操作ーその多彩な分子基盤の解明」
A03 形態操作		
15:25~15:45	沓掛 磨也子（産総研）	「昆虫による植物形態操作および花形成誘導の機構解明」
15:45~16:05	平野 朋子（京都府大）	「モデル植物実験系を駆使した昆虫による植物形態操作の分子機構解明」
A04 発生操作		
16:25~16:45	丹羽 隆介（筑波大）	「飼い殺し型寄生蜂の毒による巧みな発生操作の分子基盤」
A05 共生表現型変容		
16:45~17:05	深津 武馬（産総研）	「共生細菌による宿主表現型変容の分子基盤の解明」
17:05~	終わりの挨拶	領域代表　勝間 進（東京大）

MORE INFO

extended-phenotype.org/

@extended_pheno

目次

「共進化表現型創発：延長された表現型の分子機構解明」キックオフシンポジウム開催にあたって　勝間 進　1

公募研究について　勝間 進　2

各研究計画班の概要

A01 行動操作

ウイルスによる宿主行動操作の分子機構解明　勝間 進　3

寄生虫による宿主行動操作の分子機構解明　佐藤 拓哉　4

トキソプラズマ原虫による宿主行動操作の分子機構解明　西川 義文　5

A02 生殖操作

細胞内共生体による昆虫の性操作－その多様性と機能の基盤解明　陰山 大輔　6

昆虫共生体による性操作－その多彩な分子基盤の解明　春本 敏之　7

A03 形態操作

昆虫による植物形態操作および花形成誘導の機構解明　沓掛 磨也子　8

モデル植物実験系を駆使した昆虫による植物形態操作の分子機構解明　平野 朋子　9

A04 発生操作

飼い殺し型寄生蜂の毒による巧みな発生操作の分子基盤　丹羽 隆介　10

A05 共生表現型変容

共生細菌による宿主表現型変容の分子基盤の解明　深津 武馬　11

シンポジウム写真集　12

「共進化表現型創発：延長された表現型の分子機構解明」キックオフシンポジウム開催にあたって

勝間 進（東京大学）

今年 4 月に発足した学術変革領域（A）「共進化表現型創発：延長された表現型の分子機構解明」のキックオフシンポジウムを、8/6 火曜日に東京大学農学部弥生講堂一条ホールでハイブリッド開催いたしました。当日はオンサイトで約 80 名、オンラインでの参加を含めると合計約 200 名の参加者のもと行われました。シンポジウムでは、まず、領域代表の勝間から、本領域のコンセプトと公募研究の募集について説明を行い、その後、各計画研究の内容について、計画研究の代表から 20 分ずつ説明を行いました。活発な質疑も行われ、参加者の関心の高さが伺えました。シンポジウムの最後には、領域アドバイザーである藤島政博先生、野田博明先生、占部城太郎先生、および学術調査官の山岸覚先生から激励の言葉をいただき、盛会のうちに終了しました。

本領域では、いわゆる「延長された表現型」のうち、内生生物（エンドビオント）により個体（宿主）の表現型が規定されている現象を研究対象としています。ハリガネムシの寄生によるカマキリの行動操作などが有名ですが、研究対象の多くは非モデル生物であるため、表現型操作の分子機構については、そのほとんどが未解明の状況でした。しかし、最近、次世代シークエンサーや質量分析装置の発展、あるいはゲノム編集技術の高度化により、非モデル生物における分子生物学・生化学に着手することが可能になり、延長された表現型に関して世界をリードする研究成果が、日本から次々と出てくるようになりました。本領域では、すべての計画班、公募班が一丸となって「生物個体を超えた階層に拡張した生物学」を推進し、「延長された表現型」から見出される生物間相互作用における共通性や相違点を見出すことで、自然界の多様性の理解を、これまでメインであった個体での範疇を超えて理解する学問領域を作り上げることを目指します。できるだけ多くの方に参加いただき、本領域を楽しく活性の高いグループにしていきたいと考えております。ご協力のほど、どうぞよろしくお願いいたします。

公募研究について

勝間 進（東京大学）

本領域では、すべての計画班、公募班が一丸となって「生物個体を超えた階層に拡張した生物学」を推進し、自然界の多様性の理解を、これまでメインであった個体での範疇を超えて理解する学問領域を作り上げることを目指します。すべての計画研究、公募研究の成果を通じ、「延長された表現型」から見出される生物間相互作用における共通性や相違点を見出し、新しい学問領域を構築することが目標です。来年度から公募研究に参画する研究者としては、このコンセプトを理解し、計画班と共に領域を活性化し、推進していただける方を期待します。以下に応募に関して大事なポイントを書き出します。奮って応募いただければ幸いです。

・本公募では多種多様な生物間相互作用に関する研究のうち、**「内生生物がエフェクターを介して宿主の表現型を創出するメカニズムの解明」**に関するものを募集します。
・研究項目としては A01 から A05 の 5 つに分けて募集しますが、研究内容として最も近い項目に応募していただければ、**各項目に厳密に合致していなくても構いません。**
・現時点で分子生物学的・生化学的アプローチが開始できていない研究対象であっても、生物間相互作用を介したユニークな生命現象の分子機構にこれから迫ろうという意欲的な課題であれば大いに歓迎します。
・計画研究で用いているものと同じ、あるいは類似の材料であっても、注目する表現型が異なる研究は募集の対象となります。
・モデル生物や腸内細菌、根粒菌などかなり確立された実験系を用いた応募も予想されますが、その場合は、**表現型や注目すべきエフェクター因子（あるいは代謝産物）がユニークであること**が重要となります。
・腸内細菌や土壌細菌の場合、**微生物叢を対象とした研究ではなく、個別の生物間相互作用における研究**を対象とします。
・総括班では、各種オミクス解析やゲノム編集、組換えタンパク質作製、イメージング解析など、研究推進のための基盤技術をサポートできる体制をとっており、**非モデル生物における生物間相互作用に関する分子生物学的アプローチを強力に支援します。**
・計画班の研究との**共同研究**も歓迎します。
・実験生物学に限らず、理論生物学や数理生物学的、in silico 的アプローチの研究提案も募集します。

ウイルスによる宿主行動操作の分子機構解明

勝間 進（東京大学）

昆虫ウイルスの一種であるバキュロウイルスは二本鎖 DNA ウイルスであり、感染後期にウイルス粒子を含む多角体を感染細胞核内に大量に形成する。ウイルスゲノム上には 100 個以上のタンパク質コード遺伝子があり、自身の増殖、複製に必須な遺伝子のほかに水平伝播で宿主から獲得した宿主ホモログを持つことが知られている。これらの多くは、高次の宿主制御に関与する。例えば、脱皮ホルモンであるエクジソンを不活化するエクジソン UDP グルコース転移酵素遺伝子（*egt*）や、バキュロウイルス感染による宿主昆虫の死後溶解を行うカテプシンやキチナーゼは宿主ホモログの一種である。

昆虫ウイルス学の分野では、「*Wipfelkrankheit*（Tree-top disease、梢頭病）」と呼ばれる病気が 100 年以上前から知られている。これは、バキュロウイルスに罹患したチョウ目昆虫の幼虫が木の枝の先でぶら下がって致死する病気である。バキュロウイルスは、その感染末期に宿主の行動を活発にし、寄主植物の上方に移動させ、その場で致死させる。その結果、鳥などへの補食や風雨による死体からのウイルスの飛散が促進され、次代が広範囲に伝播する。つまり、この病気はバキュロウイルスによる利己的な行動制御の末路であり、古くから「延長された表現型」の典型例として研究されてきた。本計画研究では、この「*Wipfelkrankheit*」を対象にウイルスによる行動操作の分子機構を解明することで、「延長された表現型」の理解に貢献する。

私たちの研究、および他グループの研究から、行動制御に関与するウイルス遺伝子として、宿主ホモログである *ptp*（タンパク質脱リン酸化酵素遺伝子）や *egt* などが行動制御に関わることが明らかになっている。しかし、現時点では、異なるバキュロウイルス－宿主間に共通したウイルス側の行動制御遺伝子は発見できていない。一方、私たちの研究によって、ウイルス感染時の行動実行に関わる宿主側の因子についても、少しずつ知見が得られつつある。本計画研究では、バキュロウイルスの行動制御における共通のエフェクター分子の同定とそのエフェクターが介入する宿主シグナルカスケードを同定することで、ウイルスにおける宿主の行動操作の分子機構を丸裸にすることを目標にする。

寄生虫による宿主行動操作の分子機構解明

佐藤 拓哉（京都大学）

今日地球上に生息する生物種の約 40%は寄生生物であり、すべての野生動物は少なくとも1種の寄生生物に寄生されていると言われている。こうした寄生生物の中には、感染率の向上という自らの利益のために、宿主個体の行動を操作する種が多数存在する。これは、内生生物（エンドビオント）の寄生的共生による「延長された表現型（Extended Phenotype」の典型例として、古くから生物学者の興味を集めている。しかし、寄生生物による行動操作の分子機構解明は、解析の糸口となる行動指標と鍵刺激が不明瞭なことや、非モデル生物ゆえに遺伝情報が整備されていない等の理由により、バキュロウイルスによるチョウ目幼虫の行動操作を除いて十分に進んでいない。

近年我々は、ハリガネムシとその終宿主であるカマキリ目の昆虫において、宿主の入水行動に際して、顕著な活動量の上昇がみられることと、水面からの反射光に含まれる偏光への走性が強く関与することを示した。 これらの事実は、「活動量」と「偏光走性」に注目することで、陸生昆虫の入水行動という劇的な行動操作が達成される分子機構の解明に迫れることを示唆する。さらに、我々の最新の研究から、ハリガネムシ類が宿主カマキリからの大規模な遺伝子水平伝播を受けており、それらの遺伝子を行動操作に際して顕著に発現上昇させていることが明らかになってきている。このように、宿主の行動変化の至近要因が特定されており、またそれへの寄生生物側の遺伝子の関与が見出されている例はほとんどなく、よってハリガネムシとカマキリの系は行動操作の分子機構解明に迫れる稀有な寄生者－宿主関係である。そこで本計画班では、「ハリガネムシは、いかなる分子機構によって、陸生宿主の入水行動の生起という劇的な行動操作を達成しているのか？」を問いに据えて、研究を実施する。

トキソプラズマ原虫による宿主行動操作の分子機構解明

西川 義文（帯広畜産大学）

トキソプラズマ（*Toxoplasma gondii*）は世界人口の3分の1のヒトに感染しており、ほぼ全てのほ乳類・鳥類に感染できる細胞内寄生性原虫である。本原虫の感染により、脳、眼、心臓などへの炎症や繁殖障害が引き起こされる。また本原虫の特徴として、脳や筋組織に潜伏感染を続けることが挙げられ、宿主の行動を操作する可能性が示唆されている。トキソプラズマにとっては有性生殖が可能な終宿主のネコ科動物にいかにして到達するかが生存の鍵となる。野生動物を対象にした調査研究では、感染したハイイロオオカミが大型ネコ科動物のピューマと接触する機会が増加すること、感染したハイエナの子供はライオンとの距離間が縮まること、捕鼠器で捕獲した齧歯類に比べてネコが捕獲した齧歯類では感染率が優位に高いことが報告されている。これらの結果は、生態系においてもトキソプラズマが自身の生存・繁栄に有利なように宿主の行動を操作している可能性を支持するものである。この宿主操作のメカニズムを解明するための実験マウスを用いた行動実験で、感染マウスは天敵であるネコの匂いに対する嫌悪感が減少することが知られており、感染による宿主の行動変化が示唆されている。しかし、トキソプラズマ感染による宿主行動操作の分子機構は解明されていない。

我々のこれまでの研究で、感染マウスでは新奇環境における探索行動の抑制、記憶の固定能力の障害、天敵に対する逃避行動の抑制、うつ様症状の出現が確認された。これらの行動変容は上記のトキソプラズマによる寄生戦略を支持するものと考えられる。したがって本研究課題では、原虫由来のエフェクターの同定や標的となる宿主のシグナルカスケードの解明に取り組み、トキソプラズマによる「延長された表現型」の分子機構解明を目指す。

細胞内共生体による昆虫の性操作－その多様性と機能の基盤解明

陰山　大輔（農研機構）

エンドビオントの中でも、真核生物の細胞内に生息する微生物等を細胞内共生体と総称するが、本計画研究では、昆虫の細胞内共生体の中でも、自身の都合のいいように宿主の性や生殖を操作するものを対象とし、その多様性や機能の基盤を明らかにすることを目的とする。

一般に、これらの微生物は、他個体への感染性を持たず、母親から子へと綿々と継承される。特に、母系遺伝のみが可能で、父系遺伝はできないという非対称性があるため、細胞内共生体と宿主との間には進化的利害の不一致が存在している。細胞内共生体は宿主の性比をメスに偏らせることが進化的に有利な戦略となるが、宿主側としてはこれでは困るわけである。

我々は、細胞内共生体が持つ性比異常の原因遺伝子（特にオス殺し遺伝子）の同定を通じて、その多様性と普遍性を明らかにするだけでなく、宿主側に生じるオス殺しへの抵抗性遺伝子（サプレッサー）の同定を通じて、細胞内共生体と宿主との間で繰り広げられるせめぎ合いの様相を分子レベルで明らかにすることを目指す。さらには、これらのせめぎ合いによって、延長された表現型として、高次のレベルでどのような変化が生じるのかを明らかにできればと考えている。

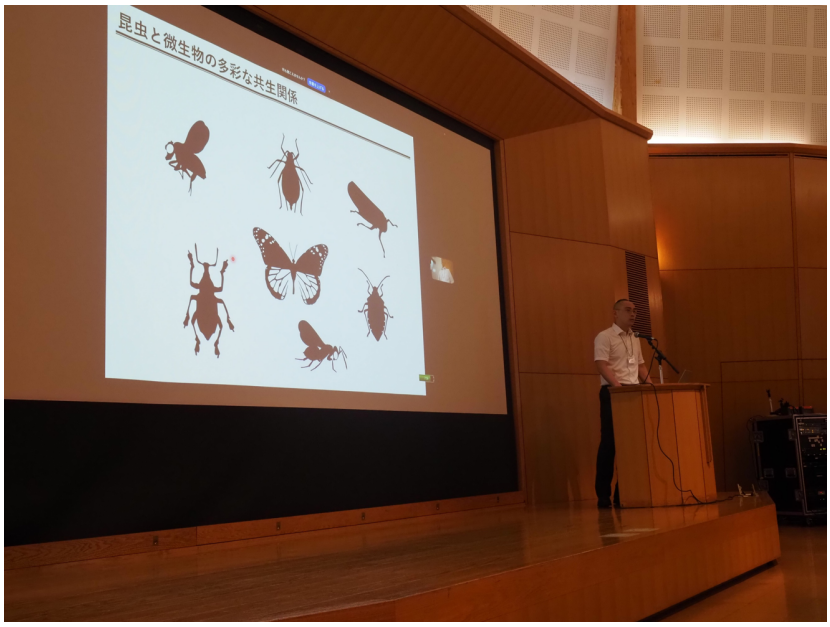
昆虫共生体による性操作－その多彩な分子基盤の解明

春本 敏之（京都大学）

昆虫の共生微生物による生殖操作は、そのユニークな表現型と多彩な生物種の組み合わせが示すように、「延長された表現型」の宝庫といえる。しかし、微生物に由来する原因因子から表現型の発現まで、一貫して分子レベルで迫った事例はごくわずかである。これまで私たちが手掛けてきた、共生細菌スピロプラズマによるショウジョウバエのオス殺し機構の追究などがその例として挙げられる。

一体、この生殖操作という不思議な生物間相互作用はどのように誕生・進化してきたのだろうか。その手掛かりを得るには、多様な昆虫－微生物共生系において原因因子や作用機序を明らかにすることが欠かせない。しかしながら、宿主昆虫の多くはいわゆる「非モデル」昆虫であり、分子レベルの理解は大きく立ち遅れてきた。

本研究計画では、この状況の打開を目指して、非モデル共生系を対象に次の二つのアプローチをとる。すなわち、昆虫－微生物共生系に応じて、①近縁のモデル昆虫が利用可能なら、その高度な分子遺伝学的手法を転用する、そうでないならば、②当該非モデル昆虫にゲノム編集・遺伝子組換え技術を本格的に適用し、個体レベルの機能解析を実現する。以上により、手付かずとなっている生殖操作現象の全容解明に突破口を開く。確立された非モデル生物における高度な分子レベル解析手法は、生殖操作以外の「延長された表現型」にも適応可能なはずであり、もって「共進化分子発生生態学」確立の駆動力となる。



昆虫による植物形態操作および花形成誘導の機構解明

沓掛 磨也子（産業技術総合研究所）

虫こぶは、昆虫が自身の何らかの因子により植物の形や性質を都合の良いように操作してつくった植物上の構造物であり、昆虫の遺伝子発現の結果が反映された「延長された表現型」の一例である。私はこれまで虫こぶを形成する社会性アブラムシについて研究してきたが、その結果、「虫こぶ修復」や「虫こぶ吸水」といった昆虫による植物形態操作を伴う興味深い生物現象を発見した。一方で、これらの現象の本質を突き詰めて考えると、そもそも昆虫はどのようなメカニズムにより虫こぶを形成しているのか？という根本的な疑問に辿り着く。すなわち、アブラムシはどのようなエフェクター因子を用いて、どのように植物の発生メカニズムを操作改変して、複雑で巧妙な虫こぶ形態を創出しているのか、という問いである。これは、古くから人々が関心を持っていたにも関わらず手をつけることができなかった、まさに本領域が目指す「延長された表現型」の分子機構解明という方向性に合致したものである。

本計画研究では、エゴノネコアシアブラムシの虫こぶを主な対象として研究を推進する。本種は、エゴノキという植物にバナナの房状の虫こぶを形成する社会性アブラムシで、これまで多くの生態学的知見が報告されているが、特筆すべきは、虫が途中で死亡した失敗虫こぶから花が咲くという「遅れ花」現象の存在である。興味深いことに、遅れ花は、花の構成器官の数が変化したり、相互に転換するといった、様々な異常な表現型を示す。本来は花が咲かない場所に生じることから、虫こぶ形成過程において、花の分化や器官形成に関わる遺伝子が利用されていることは明らかである。アブラムシが途中で死ぬことにより、虫こぶ形成カスケードに何らかの撹乱が生じ、結果として遅れ花が咲くと推測される。本研究では、この興味深い独自の系を用いて、虫こぶ形成の分子基盤を昆虫・植物の両面から明らかにするとともに、花形成機構を利用した虫こぶ形成メカニズムについて具体的に解明することをめざす。

モデル植物実験系を駆使した昆虫による植物形態操作の分子機構解明

平野　朋子（京都府立大学）

虫こぶ形成昆虫は、宿主となる植物の体に潜り込んで宿主の遺伝子を操り、自身を守るシェルターと餌場を兼ね備えた器官「虫こぶ」を形成する。「虫こぶ」形成は、通常の植物のライフサイクルで生じることはなく、1987 年にリチャード・ドーキンスの提唱した「延長された表現型」の例であるが、それよりずっと以前の紀元前から注目されつつも、その形成機構は大きな謎に包まれていた。すなわち、現在のモデル生物では起きない「虫こぶ」の研究は、外部からの観察に留まっていた。近年、次世代シーケンス、情報などの技術発展により、内部の遺伝子発現状況を把握できるようになった、と言われる。

しかしながら、次世代シーケンスによる情報を眺めるのは、虫こぶの「形態」を「遺伝子発現」に置き換えて述べているだけである。

そこで、我々は、「多様」で「ケースバイケース」と言われる「虫こぶ」というものを一般化することから始めた。虫こぶの形は、一見して多様に見えるが、昆虫が身を置く中央空間と、中央空間を取り囲む層状構造からなり，共通した『3つの構造』;（ⅰ）内側の食料となるやわらかい未分化細胞からなる組織、（ⅱ）水分や養分を送り込むための維管束、（ⅲ）外側の非常に堅い木質化した外殻で形成されている。

さらに、様々な植物における虫こぶの遺伝子発現における共通性として、『幹細胞をコントロールする遺伝子群』と『花を形成する遺伝子群』を見出した。

そして、昆虫が分泌する「虫こぶ」形成エフェクターによって引き起こされるモデル植物シロイヌナズナの表現型は、虫こぶ形成植物の共通反応として「翻訳」できるとし、エフェクター候補分子が虫こぶ形成活性を持つか評価する「試験紙」として用いた。

以上により、虫こぶ形成エフェクターを同定し、昆虫なしで、人工的に、虫こぶ形成植物ムシクサ *Veronica peregrina* に虫こぶを形成させることに成功した。さらに、我々は、ムシクサのゲノム解読を行うとともに、形質転換やノックアウトラインを自在に作出することのできる、虫こぶ形成のモデル植物を確立した。

現在、虫こぶ形成の分子機構解明は軌道に乗ったと考えている。

飼い殺し型寄生蜂の毒による巧みな発生操作の分子基盤

丹羽 隆介（筑波大学）

エンドビオントによる「発生操作」の理解に向けて、本計画研究では、ハチ目昆虫である寄生蜂による宿主の発生操作の一端に迫ることを目指す。

寄生蜂は、現在最も多くの種が記載されている昆虫類の中でも全種数の約 20%を占める多様性に富んだグループである。中でも、「内部寄生蜂 endoparasitoid wasps」のグループでは、母バチが宿主の体内に産卵し、宿主（寄主とも呼ぶ）の体内で幼虫（子）が発育する。そのために、母バチは、宿主体内で子が健やかに成長できるように様々な天然生理活性物質を含む毒液（毒カクテル）を、卵と一緒に注入する。特に、産卵後直ちに宿主を殺すのではなく、寄生蜂の幼虫が宿主と共に成長した挙句、己に都合が良いタイミングで宿主を捕食する寄生のタイプを「飼い殺し koinobiont」と呼ぶ。飼い殺し型寄生蜂による宿主の発生過程や表現型の巧みな操作の理解には、寄生蜂毒の実態と宿主に対する近接的作用の分子メカニズムを明らかにする必要があるが、それらは多くの部分で不明である。

これまでに我々は、飼い殺し型寄生蜂ニホンアソバラコマユバチ *Asobara japonica* とその宿主である *Drosophila* 属ショウジョウバエを主な研究対象として、この寄生蜂はショウジョウバエの予定成虫組織（成虫原基）を縮退させることで宿主発生を抑制することを発見し、さらにこの過程に関わる毒タンパク質 Imaginal Disc Degradation Factor-1 および-2 を見出した（Kamiyama et al. *bioRxiv* https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.06.13.598595v1）。

この発見を通じて我々は、寄生蜂による宿主の発生操作の劇的さに魅了されるとともに、我々はまだ数百種類存在すると予想される寄生蜂の毒タンパク質の機能のごく一部を明らかにしたに過ぎないことを認識している。そこで、今後の我々の計画研究では、以下の 2 つの課題に取り組む。

① ニホンアソバラコマユバチをモデルとした寄生蜂毒のさらなる同定と宿主に対する作用機序の解明

② 比較オミクス解析による各種 *Asobara* 属寄生蜂における毒成分の進化と、各種ショウジョウバエへの作用の多様性の追究

我々は、寄生蜂による発生操作の研究を通じて、本学変の目標である「共進化分子発生生態学」の構築に貢献したい。

共生細菌による宿主表現型変容の分子基盤の解明

深津　武馬（産業技術総合研究所）

寄生、共生などの近接的な生物間相互作用においてさまざまな形で現れる「延長された表現型」は、研究者のみならず一般の人々の関心も惹きつける劇的な生命現象である。その大部分は非モデル生物間の相互作用によるものであり、分子機構へのアプローチは困難であったが、近年の技術革新により「共進化分子生態発生学」という新たな学術領域の確立および展開をめざすべき時機が到来した。このような背景のもと、私たちは特に、昆虫類とその生存に必須な微生物の間でみられる「相利的な共生表現型変容」に焦点をあてる。宿主と共生者が互いに不可欠な関係において、「延長された表現型」はどのような相互作用、分子機構、進化過程を通じてあらわれるのか、それは寄生的な関係における場合とどこまで共通でどう異なるのか、といった問いに具体的な回答を与えることをめざす。

従来、近接的な生物間相互作用による表現型変容としての「延長された表現型」は、「寄生」的な関係における文脈のなかで論じられてきた。一方、「相利」的な共生関係においては、対抗進化ではなく協調進化の帰結として表現型変容が生じたはずである。私たちは具体例として、生存に必須な共生細菌が宿主の外見や行動に適応的な変容をもたらす現象に着目してその分子機構を解明する。具体的には、保護色である緑の体色が共生細菌と宿主カメムシの相互作用で形成される共生体色変容や、生存に必須な共生細菌を垂直伝達するための宿主昆虫の行動が両者の相互作用で制御される共生行動変容などに関わる機構の解明に取り組む。

多くの相利共生関係が、寄生関係を起源として進化してきたことを鑑みると、「寄生関係における宿主表現型操作」と「相利共生関係における宿主表現型変容」の分子レベル、細胞レベルの仕組みには実はかなりの共通点があり、本領域の取り組みのなかからそのような一般性が浮かび上がってくるのではないかと期待している。

参加者集合写真

領域アドバイザーの先生方からの講評　左より藤島政博先生、野田博明先生、占部城太郎先生

学術調査官の山岸覚先生の講評　コーヒーブレークや懇親会における交流の様子

CEEP Newsletter Vol. 1 No. 3
発　行：2024 年 8 月 16 日
発行者：学術変革領域（A）「共進化表現型創発：延長された表現型の分子機構解明」
（領域代表者　勝間　進）
編　集：CEEP Newsletter 編集委員会（編集責任者　深津　武馬）
領域 URL: https://www.extended-phenotype.org/