

本件の取り扱いについては、下記の解禁時間以降でお願い申し上げます。

TV・ラジオ・WEB … 日本時間 2020年9月5日(土)午前0時

新聞 … 日本時間 2020年9月5日(土)朝刊

2020年9月1日

## オンライン記者会見あり: 9月4日(金)午後2時

### 齧歯類「カピバラ」のゲノム配列決定とその進化的解析

#### ■ 概要

哺乳類の中でも特にネズミの仲間である齧歯類のDNAの進化は特殊です。そこで、齧歯類のなかで最大の体重を有するカピバラ<sup>(1)</sup>の概要ゲノム配列<sup>(2)(3)</sup>を決定し解析しました。

その結果、カピバラゲノムの大きさはヒトゲノムの80%程度であることが判明しました。さらに、他の哺乳類のゲノムと比較した結果、カピバラはモルモットよりも60倍体重が大きいですが、両者のゲノム進化速度は似通っていることが明らかになりました。このように、どの系統群に属するのかという要因のほかに、世代時間<sup>(4)</sup>と一度に産む子供数が中立進化速度<sup>(5)</sup>と相関していました。また、肝臓トランスクリプトーム<sup>(6)</sup>解析を行なった結果、遺伝子の発現パターンがこれらの進化速度に影響されていることがわかりました。

今後も、未だゲノム配列の決定されていない哺乳類に着目し、そのゲノム配列を決定・解析することで哺乳類の形態進化をゲノムデータから推定していきます。

本研究は、情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室のアイザック・ババリンデ博士(総研大遺伝学専攻修了生)と齋藤成也教授によって実施されました。



ありし日のカピバラ「雷ちゃん」  
(写真提供: 伊豆シャボテン動物公園)



齋藤研究室で総合研究大学院大学の博士号を取得し、現在中国でポストドクをしているババリンデ博士(アフリカ・ナイジェリア出身)  
(撮影: 齋藤成也)

## ■ 成果掲載誌

本研究成果は、英国科学雑誌「Genome Biology and Evolution」に 2020 年 8 月 24 日に掲載されました。

論文タイトル: The dynamics, causes and impacts of mammalian evolutionary rates revealed by the analyses of capybara draft genome sequences

(カピバラ概要ゲノム配列の解析)

著者: Isaac Adeyemi Babarinde and Naruya Saitou (アイザック・ババリンデと斎藤成也)

DOI 番号: <https://doi.org/10.1093/gbe/evaa157>

## ■ 研究の詳細

### ● 研究の背景

2015 年当時、斎藤研究室でポストドクをしていたババリンデ博士が齧歯類(ネズミの仲間)のゲノム研究に興味を持ちました。ちょうど台北中央研究院の生物多様性研究センター長であるウェンシャン・リー博士が国立遺伝学研究所の斎藤研究室を訪問し、哺乳類の中でも特にネズミの仲間である齧歯類の進化が特殊である(分子進化速度が速い)ことを議論していました。そこで、齧歯類のなかで最大の体重を有するカピバラのゲノムを決定して解析したらおもしろいだろうということになり、カピバラを多数個体飼育されている伊豆シャボテン公園に連絡したところ、1週間ほど前に雷(らい)というオス(前ページの写真)が死亡したばかりだとのことでした。そこで、雷の概要ゲノム配列を決定することになりました。

### ● 本研究の成果

次世代シーケンサー<sup>(7)</sup>MiSeq でカピバラ DNA の短い塩基配列を大量に決定し、コンピュータ解析をおこなった結果、カピバラゲノムは約 26.2 億塩基対(ヒトゲノムの約 81%)の大きさと推定されました。このうちの 95%の塩基配列を今回決定し、他の哺乳類 38 種のゲノムデータと比較解析しました。一般に体重の大きな哺乳類(ゾウ、クジラ、カバなど)は世代時間が長いので、進化速度が遅くなることが期待されますが、カピバラと同系統ながら体重がずっと小さいモルモットを比較すると、両者のゲノム進化速度は似通っていることがわかりました。一方、霊長類は全体的にどの系統でも進化速度が遅く、齧歯類では進化速度が高く、特にマウスとラットの系統が速いことが明らかになりました(図1参照)。また、どの系統群に属するののかという要因のほかに、世代時間と一度に産む子供数が中立進化速度と相関していることが明らかになりました(図2参照)。肝臓トランスクリプトーム解析も行なった結果、遺伝子発現パターンがこれらの進化速度に影響されていることがわかりました。

図1：哺乳類39種のゲノム配列をもとにした分子系統樹  
(枝の長さはDNAの変化量に比例している)

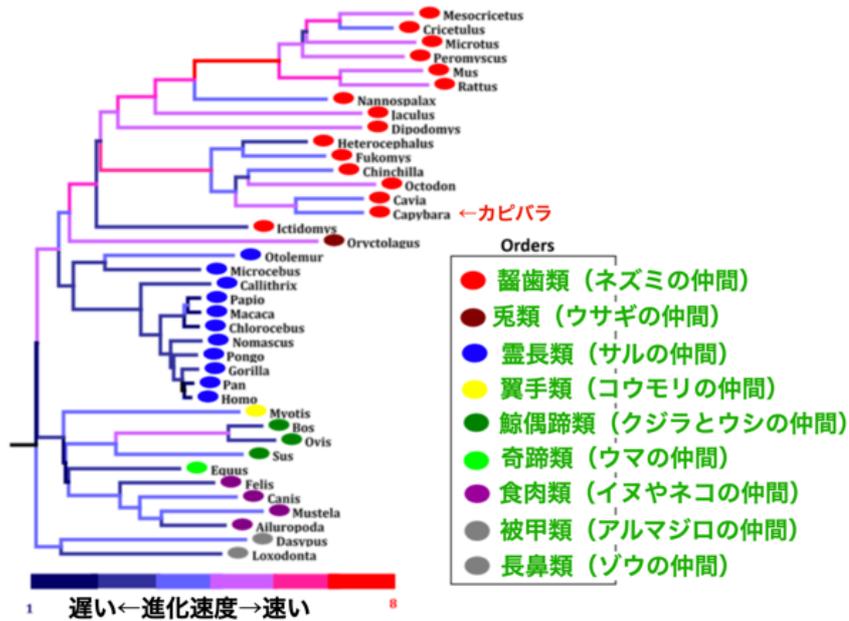
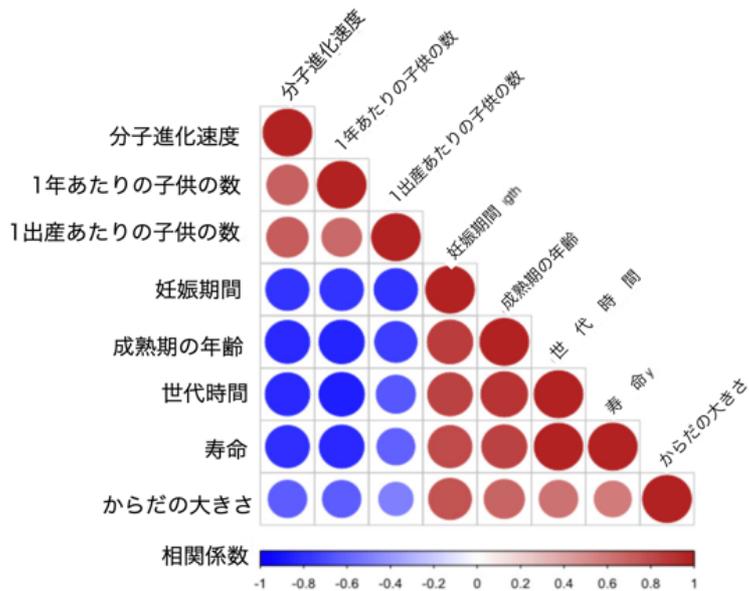


図2：7種類の要因と哺乳類39種の進化速度のあいだの相互相関  
(円の色は相関をしめす；暖かい色ほど相関が高い)



## ● 今後の展望

今回ゲノム配列解析をおこなったカピバラは、ここ静岡県三島市の楽寿園(写真参照)を含めて全世界の動物園で飼われています。哺乳類はこのように多くの人々の興味を引く動物なので、ゲノム配列を決定し進化学的解析をすることで、ゲノム進化学の重要性および稀少生物保存にもかかわることができることを訴えていきたい。

三島市楽寿園のカピバラ  
(写真提供: 斎藤研究室 Jinam 助教)



## ■ 用語解説

### (1) カピバラ (capybara)

南米に生息する、最大の体重を有する齧歯類。

### (2) ゲノム (genome)

ある生物の持つすべての DNA 塩基配列 (RNA ウイルスの場合は RNA 塩基配列) のこと。ちょうど百年前の 1920 年にドイツのハンス・ヴィンクラーが提案した概念。

### (3) 概要ゲノム配列 (draft genome sequences)

全ゲノム配列を端から端まできちんと決定するのではなく、ゲノム全体の 90% 以上をざっと決定したもの。

### (4) 世代時間 (generation time)

親と子供のあいだの平均的な年齢差。人間ではおよそ 30 年。

### (5) 中立進化速度 (neutral evolutionary rate)

哺乳類ゲノムの大部分は機能を持たず、木村資生博士 (本研究所が創立された 1949 年から 1994 年の死去まで遺伝研で研究した) の提唱した中立進化のパターンに沿った進化速度を保っています。

### (6) トランスクリプトーム (transcriptome)

ある組織や器官で転写されている RNA の塩基配列の全体。

### (7) 次世代シーケンサー (Next Generation Sequencer)

技術革新により、2005 年頃からそれまでの装置よりもはるかに安価にしかも高速に大量のゲノム塩基配列を決定することができるようになった一連の装置の総称。

## ■ 研究体制と支援

本研究は、ババリンデ博士によってほぼ全体の解析が行なわれました。国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室 (井ノ上逸朗研究室) から次世代シーケンサー MiSeq の支援をいただきました。

## ■ オンライン記者会見のお知らせ

オンライン記者会見を「9 月 4 日 (金) 午後 2 時」から行います。

## ■ 問い合わせ先

<研究に関すること>

- 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室  
教授 斎藤 成也 (さいとう なるや)

<報道担当>

- 国立遺伝学研究所 リサーチ・アドミニストレーター室 広報チーム