

他種マカクと比較した ニホンザルゲノムの特徴

福多 賢太郎(国立遺伝学研究所)

マカク属のサルは実験的研究がなされている生物種としてはヒトに最も近縁な動物であり、特にアカゲザルやカニクイザルはヒトのモデル動物として広く活用されている。ニホンザルはそのような他のマカクと比べると、複雑な学習課題が遂行できるといわれており、認知科学や脳研究の場で活用されている。ニホンザルはなぜそのような能力を有するのか？その答えはニホンザルのゲノムの中に埋まっているかもしれない。この点が明確になれば、ニホンザルのバイオリソースとしての価値は一層高まると思われる。このような目標を掲げたときにまず重要なことは、多くの研究成果が蓄積されてきた他のマカクと比べて、ニホンザルゲノムはどこがどの程度同じで、どこが違うのか？を明確にすることである。ニホンザルの大規模ゲノム配列を用いた網羅的な比較ゲノム解析によって得られたニホンザルの特徴を紹介する。



4個体のニホンザル(下北, 箕面, 信州, 幸島)、それぞれ1個体のアカゲザル・台湾ザル・カニクイザルに関して、大量の断片配列(40倍以上の被覆度)を用意。箕面産のニホンザルについては、更に多くの配列を用意することで、ニホンザルのゲノム配列を決定。

⇒ 既存のアカゲザルのゲノム配列(rheMac2,2007)を基準として、ニホンザルの1塩基多型・欠失・挿入・構造変異などを網羅的に列挙

ニホンザルに特異的な遺伝子変異を探索する

系統関係を理解してニホンザルのルーツを探る

ニホンザルのリファレンス配列とアノテーションを提供する



情報・システム研究機構新領域融合研究センター融合プロジェクト特任研究員。工学博士。2008年室蘭工業大学大学院博士後期課程工学研究科生産システム工学専攻卒業。2008年同大学SVBL博士研究員、2012年情報・システム研究機構国立遺伝学研究所生命情報研究センター特任研究員を経て、2014年より現職。

専門は統計解析及びバイオインフォマティクス。DNAマイクロアレイデータからの有用遺伝子群の抽出手法の開発経験を生かして、2012年から国立遺伝学研究所比較ゲノム解析研究室にて、大規模ゲノム配列の高速情報処理に関わる解析システムの開発研究に従事。現在は同研究室にて、構築した手法を活用した上で、ニホンザルと他のマカクとの間における網羅的な比較ゲノム解析とニホンザルのドラフトゲノム配列の構築を行っている。