

同時発表：文科省記者クラブ、科学記者会、環境省記者クラブ、三島記者クラブ、静岡県社会部記者室、千葉県政記者会、千葉民間放送テレビ記者クラブ、木更津記者クラブ、PRTIMES

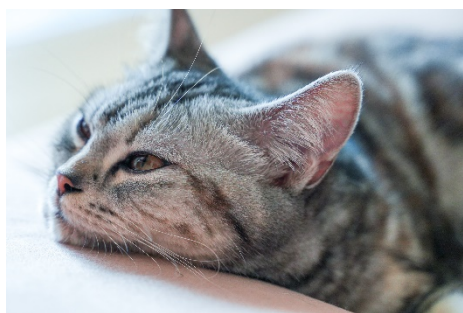


本件につきまして情報解禁日時は設定しておりません

イエネコ（アメリカンショートヘア種）の高精度な全ゲノム解読に成功

～ゲノム獣医療への応用を目指して～

5月20日（水）にBioRxivでオンライン発表



令和2年5月22日

アニコム先進医療研究所株式会社
情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
公益財団法人 かずさDNA研究所
香港中文大学

ゲノム解読を行ったアメリカンショートヘア種のイエネコ
名前は「仙豆（せんず）」（現在2歳になった仙豆は一般家庭で
元気に暮らしています）

- ◇ アニコム先進医療研究所株式会社、情報・システム研究機構国立遺伝学研究所、公益財団法人・かずさDNA研究所および香港中文大学（香港）は共同で、アメリカンショートヘア種のイエネコの全ゲノム解析を、19本の染色体レベルでほぼ全長、高精度で行うとともに、既存のアビシニアン種のゲノム構造との比較を行いました。
- ◇ アメリカンショートヘア種は国内だけでなく、世界的にも人気のある猫種の一つです。これまでイエネコのゲノム配列は、遺伝的に均一なアビシニアン種でのみ調べられており、また、未解明のゲノム構造もあることから、利用できる塩基配列情報が限られていました。
- ◇ 今回の研究で、アメリカンショートヘア種の全ゲノム配列が染色体レベルで明らかになったことで、アメリカンショートヘア種に特徴的な疾患や形質に関わる遺伝子の研究だけでなく、ネコの健康を守るためのゲノム獣医療に繋がる研究を一層進めることができます。
- ◇ 研究成果は、BioRxivにおいて5月20日（水）にオンライン公開されました。

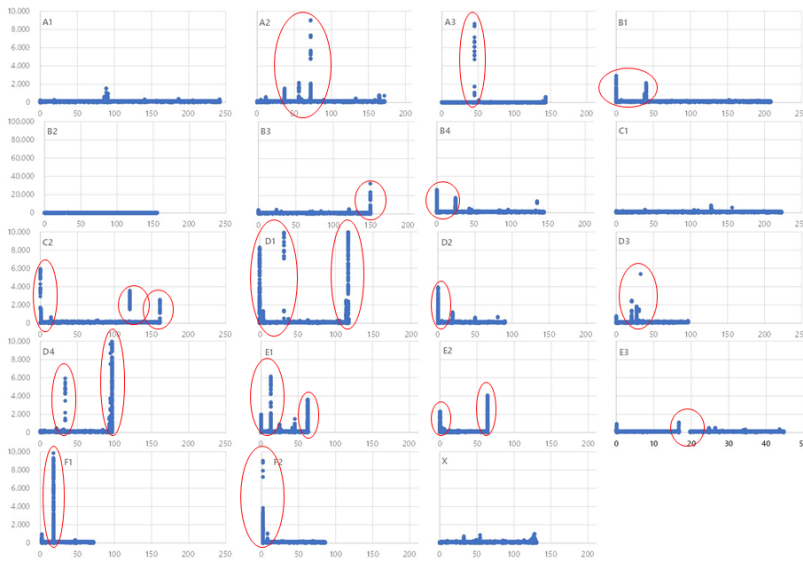
1. 背景

ネコは国内でおよそ 950 万頭が飼育されている最も人気の高い伴侶動物です。近年、ゲノム^{*1} 情報を活用し、それぞれのネコに最適な治療を提供するゲノム獣医療^{*2} が注目を集めています。これは人間の医療分野で発展してきたゲノム医療をベースにした考え方で、個人のゲノム情報からその体質を予測することで、個人に最適な医療を提供するというものです。このゲノム医療をネコの獣医療に応用するためには、ゲノム情報の蓄積が必要不可欠です。しかし、人間とは異なり、ネコの場合は利用できるゲノム配列情報がアビシニアン種の 1 品種のみと限られていました。このアビシニアン種は近親交配が進んでいる品種であり、ゲノム中に存在する遺伝子^{*3} 変異も少ないため、他の品種と比較する際に、調べることができる遺伝子変異が少ないという問題がありました。また、染色体レベルでの配列構造も未解明の部分が数多くあり、こうした未解明の変異や配列構造が、ゲノム獣医療を進めるための研究を妨げている理由の一つです。そのため、より正確なゲノム配列の情報を明らかにすることが望まれていました。

そこで本研究では、国内外でも人気が高く、遺伝的に多様性が高い猫種であるアメリカンショートヘア種を対象として、正確なゲノム配列の解読と、染色体レベルの配列構造の解明を目的として研究を行いました。また、当該ゲノム配列情報と、付随する遺伝子の機能情報を広く公開し、関連する研究をサポートするためのデータベースの構築も行いました。

2. 研究成果の概要と意義

- ①超並列シーケンシング技術と大型計算機を駆使し、アメリカンショートヘア種のほぼ全長のゲノムを 19 本の染色体レベル（うち 18 本は常染色体、1 本は性染色体(X)）で高精度に解読しました。解読されたゲノムの全長は 2,493,141,643 bp（塩基対）でした。
- ②アメリカンショートヘア種は次の三つの特徴を持つため、本研究で対象猫種に選びました。最初の理由は、国内外でも人気が高い猫種の一つということです。アニコム家庭動物白書 2019^{*4} によれば、国内の人気猫種ランキング第 2 位に位置しています。二つ目に、スコテッシュフォールド種やボンベイ種などの他の猫種の交配にも使用されるなど、遺伝的に近縁な猫種が多いという特徴もあります。世界的にも人気が高く、他の近縁な猫種も含めた多くの個体が存在することは、今回の遺伝子変異の情報をより多くのネコ種に適用でき、ゲノム獣医療に関する研究を大きく発展させる可能性を秘めています。三つ目の理由として、アメリカンショートヘア種が、アメリカ大陸に初めて上陸したネコを祖先としており、イエネコにおける品種の成り立ちを考える上でも極めて重要な猫種である点です。これらの理由から、本研究ではアメリカンショートヘア種を対象として研究を行いました。
- ③解読した全ゲノム上には 23,119 個の遺伝子があることが分かりました。
- ④アメリカンショートヘア種とアビシニアン種との配列を比較したところ、両者は染色体の一部で異なるゲノム構造をもっていることがわかりました。2つのゲノム構造の違いをさらに詳しく調べることで、アメリカンショートヘア種で見られる肥大型心筋症などの好発する遺伝病と関連した遺伝子や、品種の成り立ちに関する新たな知見を得られることが期待されます。

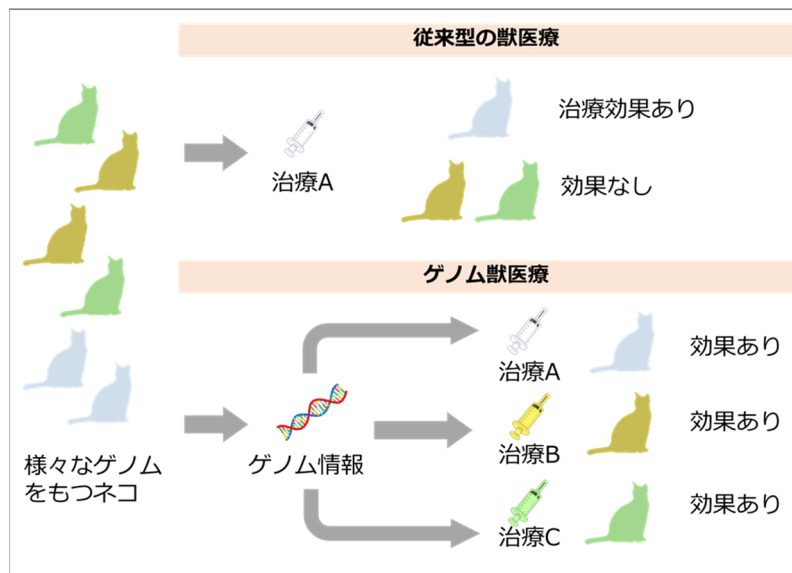


アメリカンショートヘア種とアビシニアン種のゲノム構造の違い。各グラフの番号は19本の染色体番号を示しています。赤丸はゲノム構造が特に異なっていると考えられる領域で、横軸は染色体の位置、縦軸は遺伝的な違いを示しています。

⑤本研究により得られた情報は、データベース Cats-I (<https://cat.annotation.jp/>) およびバイオ系のプレプリントサーバーbioRxiv (バイオアーカイブ) *5 で公開しています。

3. 将来の波及効果

- ①アメリカンショートヘア種の全ゲノム解読に世界で初めて成功したことで、人気の高いこの種に特徴的な病気や体質に関わる遺伝子の研究だけでなく、イエネコ全体のゲノム獣医療の発展に向けた応用研究が飛躍的に進みます。
- ②データベースの構築により、遺伝情報に基づいたゲノム獣医療を進めるための正確な遺伝情報の蓄積とその情報共有が可能になります。



従来型の獣医療では、どの個体にも同じ治療を行っており、治療法によって効果がでないネコも存在していました。ゲノム獣医療では、ゲノム情報に基づいて個体の体質に適した治療を行うことで、より効果的、効率的に獣医療を進めることが可能になります。

本研究はアニコム先進医療研究所株式会社、情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所、公益財団法人・かずさDNA研究所および香港中文大学（香港）の共同研究により実施されました。

論文タイトル：AnAms1.0: A high-quality chromosome-scale assembly of a domestic cat *Felis catus* of American Shorthair breed

著者：Sachiko Isobe, Yuki Matsumoto, Claire Chung, Mika Sakamoto, Ting-Fung Chan, Hideki Hirakawa, Genki Ishihara, Hon-Ming Lam, Shinobu Nakayama, Shigemi Sasamoto, Yasuhiro Tanizawa, Akiko Watanabe, Kei Watanabe, Masaru Yagura, Yasukazu Nakamura

掲載誌：BioRxiv

DOI: 10.1101/2020.05.19.103788

用語解説

*1 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必要な最小限の染色体のひとまとまり、または DNA 全体のことをいう。

*2 ゲノム獣医療：ゲノム情報を網羅的に調べ、その結果をもとにして、より効率的・効果的に病気の診断や治療を行う獣医療のこと。

*3 遺伝子：親から子へと遺伝する、あるいは細胞から細胞へと伝えられる形質を決定する因子であり、生物の体を作り動かすのに必要なタンパク質などを作るための設計図のことで、その本体はDNAである。

*4 アニコム 家庭どうぶつ白書 <https://www.anicom-page.com/hakusho/>

*5 bioRxiv (バイオアーカイブ)：Rxivのxは、「カイ二乗検定」のx (カイ)。査読のある科学雑誌に投稿する前の論文 (プレプリント) を公開することで、時間のかかる査読のプロセスを経ずに研究情報を交換することができる。また、投稿時に文献番号が付与され、投稿日時も記録されるため、研究成果の先取権が担保される。運営団体は米国の Cold Spring Harbor Laboratory。