

2004年5月27日
独立行政法人 理化学研究所
ネイチャー・ジャパン

チンパンジー22番染色体の解読が終了

- ヒトとチンパンジーでは何が違う? -

独立行政法人理化学研究所（野依良治理事長）が中心となって組織した国際チンパンジーゲノム 22 番染色体解読コンソーシアム(The International Chimpanzee Chromosome 22 Consortium) は、ヒト 21 番染色体に相当するチンパンジー22 番染色体の解読を終了しました。

ヒトとチンパンジーの形態的及び行動的な大きな違いは、今日まで大規模かつ系統的には研究されておらず、わずかな遺伝的差異に基づくものだと考えられてきました。2003年7月1日、国際コンソーシアムは、ヒトに最も近縁であるチンパンジーの22番染色体の33.5Mb（3350万塩基）に渡る全配列を、99.998%の高精度で決定し、情報解読に成功しました。完成した配列データは国際コンソーシアムのウェブサイトから利用できますが、国立遺伝学研究所 DDBJ など公的データベース (<http://www.ddbj.nig.ac.jp>) から公開されています。

今回の解析から、ヒトとチンパンジーの間には塩基置換（1.44%）以外に転移因子などの挿入や欠失にも多数の違い（68,000カ所）が存在し、さらに比較された200余の遺伝子のうち80%以上で、生産されるタンパク質の機能に何らかの相違を生ずると思われる違いが見い出され、さらにレトロ転移がヒトとチンパンジーの進化に異なる影響を及ぼしてきたことを示唆する結果を得るなど、今まで考えられていた以上の違いが両者にあることが明確になりました。

ゲノムの解読は、医学における画期的な新アプローチの導入につながると同時に生物学の他のアプローチと組み合わせ、私たちヒトについての総合的理解を可能にすることが期待されています。本研究成果の詳細は、英国の科学雑誌『Nature』（5月27日号）に掲載されます。

1. 背景

平成12（2000）年3月に東京で開催された類人猿ゲノムと脳研究の総合的研究に関する国際ワークショップ“Genes and Minds Initiative (GEMINI)-Workshop on Ape Genomics”が、今回の世界に先がけたチンパンジー22番染色体を解読する国際コンソーシアム*1結成の発端となりました。このワークショップにおいて韓国、中国、台湾の研究者が、類人猿のゲノム計画が日本を中心としてアジア主導となることを歓迎し、ヒト21番染色体*2解読のメンバーであったドイツチームとともに、コンソーシアムメンバーとなる経緯となりました。また、理研GSCを中心とするグループは2002年1月にチンパンジー全ゲノムのBAC地図作成を完成し、ヒトとチンパンジーには1.23%の塩基の違いがあることを初めて明らかにしました

（Science誌発表）。その後コンソーシアムは22番染色体シーケンスを本格的に開始し今回の解読完了に至りました。

2. 研究の進め方

プロジェクトは以下に記した 9 機関によって進められました。配列決定は 8 機関が領域を分担し、2002 年 1 月から 2003 年 5 月にかけて全領域の解読を終了しました。シーケンス材料^{*3} (BAC、フォスミドライブラリ) の準備と比較地図の作成、連続クローンの作成と配列決定用クローンの供給及び進捗状況の管理は理研グループがプロジェクトを通じて担当しました。配列データは 99.998% 以上の高精度であり、22 番染色体長腕の 99% 以上が解読されました。期間中に何度かの全体集会 (上海、ベルリン、横浜) を開催してプロジェクトの進捗状況に関する調整を行ったほか、配列データ解析ではヒト 21 番染色体との比較、遺伝子同定、構造の特徴などの解析がコンソーシアム全チームの共同作業によって行われました。なお配列データの精度管理、データ解析、論文作成等プロジェクト全体を理研グループが主導しました。

3. 解析の手法

国際コンソーシアムは 3 個体のチンパンジー (日本 1 個体、アメリカ 2 個体) から調製したゲノムをシーケンスの材料としました。これら 3 個体の BAC ライブラリーから 22 番染色体に由来するクローンをスクリーニングし整列化を行いました。さらに理研グループによって作成された独自のフォスミドライブラリーもシーケンス未決定領域をカバーするため使用しました。シーケンスはクローンごとのショットガン法によって行い、クローンごとの配列をつなぎ合わせることで染色体全体の配列を編集しました。配列データはその精度が 99.99% 以上となるまで精査し最終的に高精度な完成配列を得ました。配列データは主に医学、進化、構造等の面からとくにヒトとチンパンジーの違いを知るためヒト 21 番染色体との比較を中心にコンピュータを用いて解析したほか、オランウータン、ゴリラといった類人猿ゲノム DNA との実験的な比較も行われています。

また、遺伝子については他の生物種 (マウスなど) との構造比較も行われたほか、ヒトとチンパンジー間での遺伝子発現量の実験的比較も行なわれています。今回の解析から、ヒトとチンパンジーの間には塩基置換 (1.44%) 以外に転移因子などの挿入や欠失にも多数の違い (68,000 カ所) が存在し、さらに比較された 200 余の遺伝子のうち 80% 以上で、生産されるタンパク質の機能に何らかの相違を生ずるとされる違いが見い出され、さらにレトロ転移^{*4}がヒトとチンパンジーの進化に異なる影響を及ぼしてきたことを示唆する結果を得るなど、今まで考えられていた以上の違いが両者にあることが明確になりました。

4. 今後の展開

今回の成果は、ヒト以外の霊長類で全配列の解読が終了した初めての染色体であり、今後はこれら成果をもとにヒトの進化や生物学的特質についての重要な情報がつぎつぎ得られるものと考えられます。ゲノム構造を基盤とする大規模研究は、医学における画期的な新アプローチの導入につながると同時に生物学の他のアプローチと組み合わせ、私たちヒト、さらには地球上の生命についての総合的理解を可能にすることと期待されています。

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所 横浜研究所
ゲノム科学総合研究センター

センター長 榎 佳之

Tel : 045-503-9151 / Fax : 045-503-9150

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室

Tel : 048-467-9272 / Fax : 048-462-4715

Mail : koho@riken.jp

<補足説明>

※1 国際チンパンジーゲノム 22 番染色体解読コンソーシアム

2000年3月東京で行われた GEMINI ワークショップ (Genes and Minds Initiative Workshop) を機会に結成され、ヒト 21 番染色体に対応するチンパンジー 22 番染色体の解読を通して、ヒトゲノムの進化のメカニズムの解明を目指す。

※2 ヒト 21 番染色体

ヒトの最小染色体で、日本を中心とする国際チームによって 2000 年 5 月にその全配列が決定、解読された。ヒト染色体の中で最も深く理解された染色体の一つであり、遺伝子の高密度、低密度領域の存在、多様な転移因子の分布、ダウン症など様々な疾患に関する遺伝子の存在など、小さいながらもヒトゲノムの特色をそなえており、チンパンジーとの比較解析から得られる情報も多いと期待される。

※3 シークエンス材料

細胞・組織やゲノム DNA よりプラスミド、 λ ファージ、フォスミドまたは BAC など様々なベクターへクローニングを行い、目的にあったライブラリーに使われる材料。

※3 レトロ転移

「特定の転位因子の増殖」もしくは、「特定の反復配列の増幅」

主たるコンソーシアムメンバー

日本

榎 佳之 (理研ゲノム科学総合研究センター長)

渡辺日出海 (理研ゲノム科学総合研究センター・奈良先端科学技術大学院大学助教授 (現北海道大学教授))

藤山秋佐夫 (理研ゲノム科学総合研究センター・国立情報学研究所教授)

服部正平 (理研ゲノム科学総合研究センター・北里大学教授)

斉藤成也 (国立遺伝学研究所教授)
 ドイツ
 M.-L. Yaspo (マックスプランク研究所)
 Hans Lehrach (マックスプランク研究所)
 Svante Paabo (マックスプランク研究所)
 中国
 S.-Y. Wang (中国上海ヒトゲノムセンター)
 Chen Zu (中国上海ヒトゲノムセンター)
 韓国
 H.-S. Park (韓国基礎生物工学研究所)
 台湾
 S.-F. Tsai (国立陽明大学)

チンパンジー22番染色体シーケンスと各チームの貢献度

Center	Minimum tiling path clones	Additional clones	All clones	Total bases	Accession Numbers
CHGC	39	1	40	6,016,694	BS000165-204
KRIBB	21	0	21	2,810,557	BS000205-225
Germany	47	12	59	4,979,927	AL954200-256, 258-259
NIG	5	2	7	1,050,886	BS000158-164
RIKEN	143	14	157	19,540,921	BS000001-157
YMGC	18	2	20	3,412,759	BS000226-245
Total	273	31	304	42,666,429	AL954200-256, 58-59; BS000001-245

Germany: MPI, IMB and GBF

CHGC: Chinese National Human Genome Center at Shanghai (China)

GBF: German Research Center for Biotechnology (Germany)

IMB: Institute for Molecular Biotechnology (Germany)

KRIBB: Korea Research Institute of Basic and Biotechnology (Korea)

MPI: Max-Planck Institute (Germany)

NIG: National Institute of Genetics (Japan)

RIKEN: RIKEN Genomic Sciences Center (Japan)

YMGC: National Yang-Ming University Genome Center (Taiwan)



協力したチンパンジーのゴン
(京大霊長類研究所)

チンパンジー22番染色体
及びヒト21番染色体シーケ
ンスの統計比較データ

	ヒト21番染色体長腕		チンパンジー22番染色体長腕	
サイズ(塩基対)	33,127,944		32,799,845	
非対応サイト数*2	25,242		101,709	
配列ギャップ数	14		22	
クローンギャップ数*3	3		2	
推定クローンギャップサイズ	73,108		74,311	
GC含量(%)	40.94%		41.01%	
CG数	361,259		358,460	
CpG 島数	950		885	
塩基多様性	0.072%		0.14%	
反復配列	塩基対	頻度	塩基対	頻度
SINEs	3,649,153	15,137	3,614,825	15,048
Young Alus *4	21,557	75	2,606	10
LINEs	5,853,821	8,737	5,736,911	8673
Young L1s *5	82,493	48	78,657	55
LTRs	3,621,501	7,282	3,550,807	7,180
Transposons	949,215	3,363	945,129	3,350
RNAs*6	8,830	100	8,722	99
Satellite	19,327	21	14,773	18
その他	30,452	38	34,776	43
計	14,132,299	34,678	13,905,943	34,411
	42.7%		42.4%	

*1 Size of the contig data after the site where the first base of the PTR22q contig is aligned

*2 Regions extended into HSA21q clone gaps and subtelomeric unmatched regions

*3 Excluding pericentromeric and subtelomeric gaps

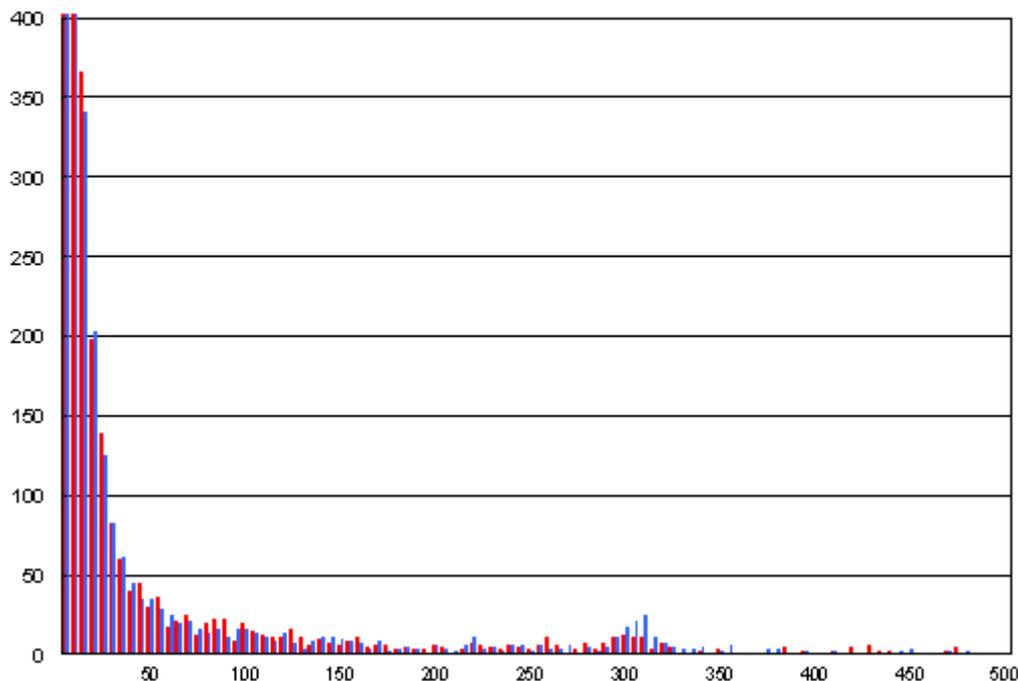
*4 AluYa5, AluYa8, AluYb8 and AluYb9

*5 L1HS and L1PA2

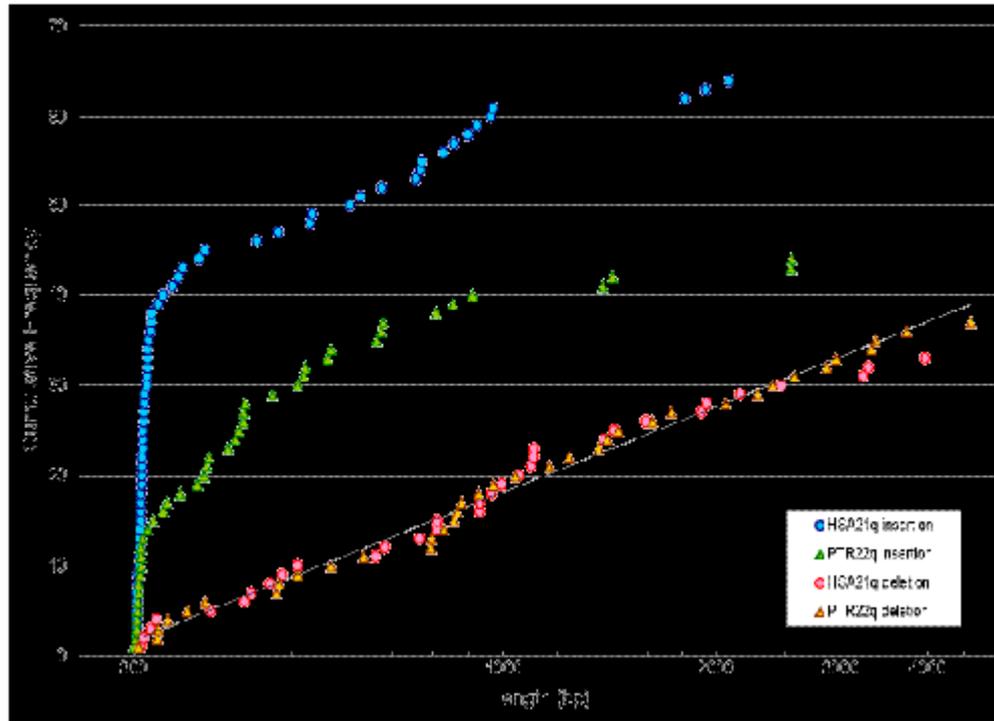
*6 snRNA, scRNA, 5S rRNA, tRNA, 7SL RNA and other small RNA genes

挿入・欠失のサイズと頻度

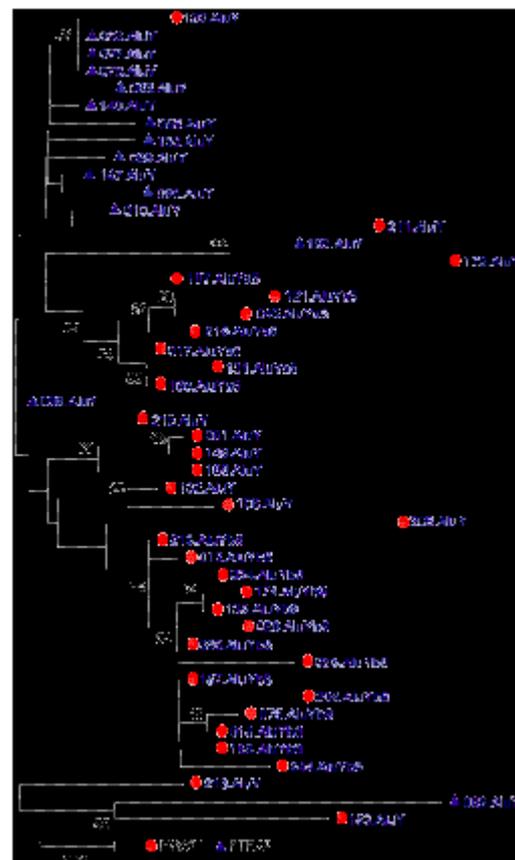
(Indelの総数: 約68,000ヶ所)



挿入 / 欠失頻度とサイズの関係



ヒト21番及びチンパンジー
22番染色体中にごく最近
挿入した転移因子Aluの進化的関係



Ka/Ks > 1: 進化速度の早い遺伝子

3.37	KRTAP23-1	keratin associated protein 23-1
2.78	C21orf87	chromosome 21 open reading frame 87
1.98	C21orf81	chromosome 21 open reading frame 81
1.79	C21orf128	chromosome 21 open reading frame 128
1.76	C21orf119	chromosome 21 open reading frame 119
1.73	RPS5L	ribosomal protein S5-like
1.67	KRTAP15-1	keratin associated protein 15-1
1.57	KRTAP21-1	keratin associated protein 21-1
1.47	ABCC13	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 13
1.37	ANKRD21	Expressed in prostate, ovary, testis, and placenta
1.15	TMPRSS2	transmembrane protease, serine 2
1.01	DSCR6	Down syndrome critical region gene 6

進化速度の比較的早い遺伝子

0.72	TCP10L	t-complex 10 (mouse)-like
0.56	KRTAP13-3	keratin associated protein 13-3
0.56	KRTAP6-3	keratin associated protein 6-3
0.54	IGSF5	immunoglobulin superfamily, member 5
0.35	UMODL1	uromodulin-like 1
0.34	B3GALT5	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,3-galactosyltransferase, polypeptide 5
0.32	KCNE1	potassium voltage-gated channel, Isk-related family, member 1
0.27	KRTAP19-7	keratin associated protein 19-7
0.19	ATP5J	ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit,

ヒトとチンパンジーで
発現量の異なる遺伝子

Gene ID	Transcript ID	Expression		Lineage-specific changes	
		brain	liver	brain	liver
C21orf18	NM-017438	higher in chimp	not expressed	chimp	
C21orf33	Y07572	not expressed	higher in human		nonspecific
C21orf5	AJ237839	not expressed	higher in human		chimp
C21orf97	BC003651, AK024977	higher in human		nonspecific	
CRYAA	U05569, U66584	not expressed	higher in chimp		chimp & human
CRYLL1	AK001293	higher in human	not on chip	?	
CXADR	Y07593	not expressed	higher in human		human
DSCR1	U85267	not expressed	higher in human		human
ETS2	J04102	higher in chimp	higher in human	chimp & human	
IFNAR2	X77722	higher in chimp	higher in chimp	chimp	chimp & human
IFNGR2	BC003624	higher in chimp		chimp & human	
ITSN1	U61166	not expressed	higher in chimp		nonspecific
ISS	AK092334	not expressed	higher in human		nonspecific
EDXK	BC000123	not expressed	higher in chimp		chimp
PTTGIP	Z50022	not expressed	higher in human		chimp & human
TTC3	D84296	higher in human	higher in human	nonspecific	nonspecific
USP16	AK025104	higher in human		nonspecific	
ZNF294	AB018257	higher in human	higher in human	chimp	chimp

higher in chimp
higher in human
not expressed
no difference, but expressed
not on chip

ヒトとチンパンジーの間で発現の違いや高いKa/Ksを示す疾患・感染症関連遺伝子の例

Gene	Remark	Function
ABCC13	High Ka/Ks ratio	ABC transporter, ABCC13 is related with hematopoiesis
CRYZL1	Expression difference	a quinone reductase similar to chloroquine-binding proteins identified in malaria-infected erythrocytes
CXADR	Expression difference	a receptor for coxsackievirus and adenovirus
DSCR1 (Adapt78)	Expression difference	an inhibitor of the serine/threonine phosphatase, calcineurin which dephosphorylates the tau protein associated with the assembly of paired helical filaments in Alzheimer's disease
ETS2	Expression difference	a broad-range transcription factor which affects on the transcription of the APP gene associated with the pathogenesis of Alzheimer's disease
IFNAR2	Expression difference	a receptor involved in interferon alpha-mediated antiviral activities for hepatitis B and C
IFNGR2	Expression difference	a receptor involved in interferon gamma-mediated defense immunity against mycobacterial infections
ITSN1	Expression difference	a member of a conserved family of proteins involved in clathrin-mediated endocytosis by which internalization of virus particles such as influenza virus into cells is mediated
TMPRSS2	High Ka/Ks ratio	a transmembrane serine protease overexpressed in a majority of prostate cancer cells
TTC3	Expression difference	a protein containing tetratricopeptide repeat (TPR) motif and mapped in DSCR, of which the mouse ortholog is expressed in predominantly in the central nervous system