

10,000 genomes to come

脊椎動物1万種ゲノム解読計画が始動

Erika Check Hayden

Nature Vol. 462(21)/ 5 November

ゲノムの解析を通じてヒトの遺伝的多様性を探る『1000人ゲノム計画』から、ようやく報告が届きはじめた今、ある国際的なグループが、さらに野心的なプロジェクトを計画している。それは、1万種のゲノムを解析しようという計画だ。『ゲノム10K』と名付けられたこのイニシアチブがめざすのは、数千種の脊椎動物のゲノムの塩基配列を決定することである。プロジェクトのメンバーは *Journal of Heredity* 2009年11月6日号に寄稿し、このプロジェクトは、異なる生活様式をもち異なる適応をしてきた動物群にゲノムが多様性を生じさせる仕組みについて、これまでに見聞をもたらずだろうと主張した。

5つの大陸から68人の科学者が参加するこのプロジェクトは、3人の発起人により立ち上げられた。その1人であるカリフォルニア大学サンタクルーズ校（米国）の David Haussler は、「マナティーからアリクイまで、脊椎動物の形態には驚くべき多様性がみられます」という。「脊椎動物のゲノムの信じられないほどの順応性と適応性を目にするたびに、私は心を打たれます。その遺伝的ルーツについて、我々が知るべきことは山ほどあります」。

Haussler、米国立がん研究所（メリーランド州フレデリック）の Stephen O'Brien、サンディエゴ動物園保護研究所（カリフォルニア州エスコンデイド）の遺伝学部門長 Oliver Ryder の3人は、動物の標本を収集し、系統分類するという作業が、動物のゲノム解読プロジェクトを阻む要因になっているという認識に立ち、このプロジェクトを組織することを決意した。彼らはほかの科学者をプロジェクトに

引き入れるため、2009年4月にサンタクルーズで会合を開き、現在では50の機関から提供された1万6000種以上のサンプルのデータベースをもっている。彼らはまた、一部の種のゲノムを対象とする試験的なプロジェクトも計画している。

現在グループは、メインプロジェクトのための資金を集めている。それぞれのサンプルを処理して塩基配列を決定するのにどれだけの費用がかかるかによって、全体で1000万ドルから1億ドルの費用が必要になると考えられている。チームは、1ゲノム当たりの塩基配列決定（シーケンシング）コストは数年以内に1万ドルを切るだろうと予想しており、そうなれば予算の範囲内で1万種の脊椎動物の全ゲノムを解読できると見込んでいる。しかし、すべてのデータを解析することは困難を極めるだろう。最新のシーケンシング技術で決定されるDNAの短い塩基配列を正確につなぎ合わせて、新しいゲノムを組み立てるのはまだ容易ではないからだ。

一部の科学者たちは、このプロジェクトを歓迎する一方で、脊椎動物のゲノムだけをそんなに詳しく解読するという決定に首をかしげている。オレゴン州立大学（米国コーヴァリス）で甲虫の系統発生を研究している David Maddison は、甲虫の種は脊椎動物の6倍もあるのに、ゲノムが解読されている甲虫はまだ1種しかないと指摘する。「私がいいたいのは、ここに研究資金があったとして、それを1万種の脊椎動物のゲノムを解読するために使うか、それとも、多様な生物の中から偏りなく選び出されたさまざまな種のゲノムの解読に使うかを決定できるとしたら、自分



このアリクイのゲノムが、ゲノム10Kの一環であるアリクイゲノムプロジェクトに使われるかもしれない。

は後者を強く主張するということです」と Maddison はいう。ちなみに彼は、ウェブ上の生物多様性のカタログ『ツリー・オブ・ライフ（生命の木）』プロジェクトの発案者である。

O'Brien は、無脊椎動物のゲノムの解読が「価値のある研究分野であり、（脊椎動物のゲノムと同様に）全ゲノムの塩基配列を決定するべきものであること」に同意する。また、既に無脊椎動物の大規模なゲノム解読プロジェクトを計画している科学者たちもいる。

実際、O'Brien はゲノム10K計画がきっかけになって、生物多様性の研究方法が大きく様変わりし、最新のシーケンシング技術が使用されることを期待している。彼はそれを、印刷機の発明が引き起こした文化の変化になぞらえる。印刷機は、最初、聖書の印刷に用いられ、やがて、より広い目的に用いられるようになった。「ヒトゲノム計画が聖書だとしたら、ゲノム10K計画はさまざまな本がたくさんある図書館なのです」。

（三枝小夜子 訳）