

## 東京工業大学、オオコウモリ 2 種の全ゲノム配列を解読、高い抗ウイルス免疫力に迫る

東京工業大学 生命理工学院 生命理工学系の二階堂雅人准教授、同 総合理工学研究科の張子聡大学院生、国立遺伝学研究所の近藤伸二特任准教授および東京大学 生産技術研究所の甲斐知恵子特任教授らの共同研究グループは、デマレルーセットオオコウモリとエジプトルーセットオオコウモリ(写真)の全ゲノム配列を解読した。



図: 今回全ゲノム配列を解読したルーセットオオコウモリ

左: デマレルーセットオオコウモリ (*Rousettus leschenaultia*)

右: エジプトルーセットオオコウモリ (*Rousettus aegyptiacus*)

写真提供: 長谷川政美 統計数理研究所名誉教授

オオコウモリはコウモリの一部から分岐したグループであり、その急速な適応進化については多くの研究者が注目していた。今回の研究では、全ゲノム配列を解読したオオコウモリ 2 種に加えて、コウモリを含む 22 種の哺乳類を対象とした網羅的な比較ゲノム解析を実施し、オオコウモリ独自の進化に関わる遺伝子の探索を行なった。

まず、オオコウモリの化学感覚系遺伝子群(味覚、嗅覚、フェロモン)に着目し

た。各種哺乳類のゲノム中における化学感覚遺伝子の数をそれぞれ比較したところ、特に嗅覚系の遺伝子がオオコウモリのグループで顕著に増加していることが明らかとなった(図 2)。この嗅覚系の遺伝子数の顕著な増加は、オオコウモリが反響定位能力を失ったことによる代替え感覚の進化や、匂いを放つ果実食への適応を反映していると考えられる。

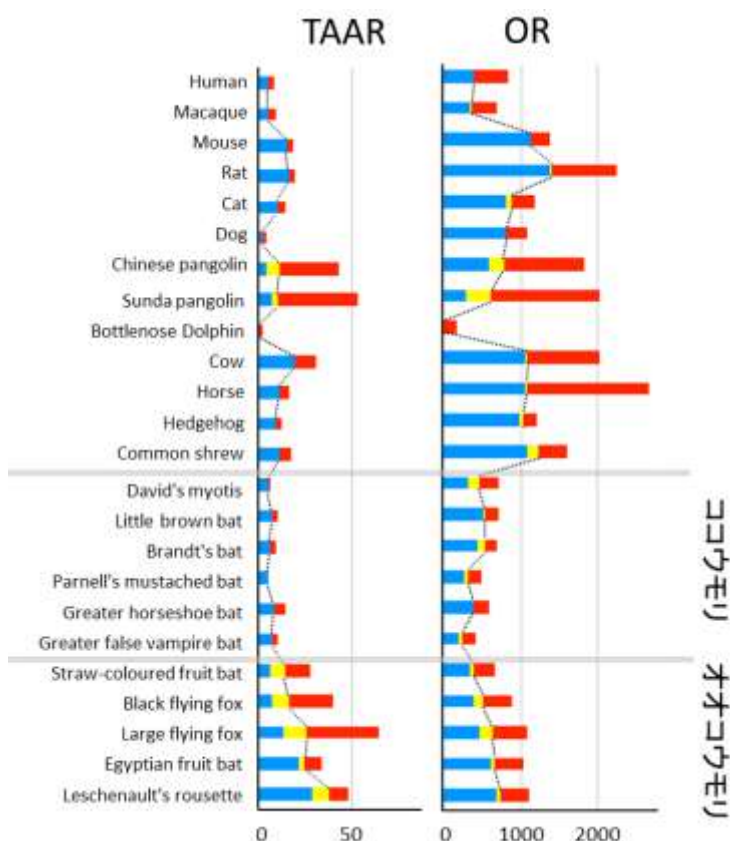


図 2. オオコウモリの嗅覚遺伝子の増加  
青色と黄色は機能していると予想される遺伝子、赤色は壊れた遺伝子の数(横軸)を示す。ココウモリと比較してオオコウモリは特に OR(olfactory receptor)と TAAR(trace amine-associated receptor)に代表される嗅覚遺伝子が顕著に増加していた。

続いて、オオコウモリの各遺伝子に対して網羅的な選択圧解析を行ったところ、免疫系とタンパク質代謝系の遺伝子群について、適応進化の痕跡が検出された。オオコウモリはニパウイルス感染症やマールブルグ病などに代表される、致死性の高い人獣共通感染症ウイルスの自然宿主となることが確認されている。オオコウモリ自身がこうしたウイルスに感染しても発症しない理由として、オオコウモリが強靱な抗ウイルス免疫力を進化させているためだと予想さ

れてきた。

今回、免疫系遺伝子群において適応進化の痕跡が検出されたことは、この予想によく合致しており、さらに具体的な遺伝子のリストアップにも成功したことになる。今回の研究では宿主ゲノム中でウイルスのように増殖するレトロポゾンの活性が、オオコウモリゲノム中では顕著に低下していることもわかった。これはオオコウモリが自身のゲノム中においてウイルスのような可動因子の増殖を防ぐ積極的なメカニズムがある可能性を示唆している。

本結果は、オオコウモリの適応進化について重要な知見を与えるだけでなく、人獣共通感染症ウイルスの感染・発症メカニズムに関わる医学研究への足がかりになると期待される。

#### 論文情報

タイトル: Comparative genomic analyses illuminate the distinct evolution of megabats within Chiroptera

雑誌: DNA Research

DOI : [10.1093/dnares/dsaa021](https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa021)

研究成果発表資料

[https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2020/10/research-highlights\\_ja/pr20201009b.html](https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2020/10/research-highlights_ja/pr20201009b.html)

編訳 JST 客観日本編集部