

03

アミノアシルtRNA合成酵素と翻訳伸長因子を用いた
分子系統解析に基づく生命の初期進化の解明
Investigation of early evolution of all extant
organisms based on molecular phylogenetic analyses
using aminoacyl tRNA synthetases and translational
elongation factors

古川 龍太郎、金武 舞、中川 穂、横堀 伸一、山岸 明彦
(東京薬科大学・生命科学部・極限環境生物学研究室)

Ryutaro Furukawa, Mai Kanetake, Mizuho Nakagawa, Shin-ichi Yokobori,
& Akihiko Yamagishi
(Lab. Extremophiles, Sch. Life Sci., Tokyo Univ. of Pharm. Life sci.)

全生物の系統関係やその共通祖先についての議論は続いている。Woeseら(1990; PNAS 87:4576-4579)は16S/18S rRNA を用いた分子系統樹を作成し、全生物を3つのドメイン(真正細菌、古細菌、真核生物)に分類した。しかし、それに対する反論も多く、結論は出てない。我々は生命の初期進化や全生物の共通祖先がどのような生物であったかを解明するため、様々なタンパク質遺伝子を用いた分子系統樹を作成し、真核生物の祖先と全生物の共通祖先の系統学的位置の推定を行ってきた。近年の古細菌ゲノムデータの増加に伴い、新しい古細菌の門が提案されており、それらの門を加えた解析をすることでより詳細な進化的関係を明らかにできると考えられる。本研究では、アミノアシルtRNA合成酵素(ARS)と翻訳伸長因子(EF)を用いて分子系統樹を作成し、全生物の系統関係を議論した。

9種のARSと2種のEFのアミノ酸配列データ(118種:真正細菌57:古細菌23:真核生物38)をBlast検索を用いて収集し、データセットを構築した。解析に適さない配列をデータセットより除外した。MAFFTを用いたアラインメントの後、アラインメントを手動で修正した。TrimAlを用いてよく保存されている座位を選択し解析に用いた。ProtTest3を用いて最適なアミノ酸置換モデルを選択し、最尤法(RAxML)とベイズ法(PhyloBayes)を用いて系統樹を作成した。作成された系統樹より真核生物と姉妹群になる古細菌の仮説を立て、AU検定を用いた仮説検定を行った。

RAxMLを用いた解析の結果、真核生物は遺伝子により、古細菌もしくは真正細菌の内群となった。PhyloBayesを用いた解析でも同様の結論が得られた。仮説検定の結果、各遺伝子の系統樹において真核生物と姉妹群になる古細菌を推定することができた。しかしながら、遺伝子ごとに結論が異なることから、複数の生物種が真核細胞の誕生に関わったと考えられる。今後は他のタンパク質遺伝子を用いた系統解析を進めて、さらに真核生物の起源と全生物の共通祖先についての知見を得ていく。