

5

アミノアシルtRNA合成酵素を用いた 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

古川龍太郎、中川穂、黒柳拓也、横堀伸一、山岸明彦

(東京薬科大学・生命科学部・応用生命科学科・極限環境生物学研究室)

Ryutaro Furukawa, Mizuho Nakagawa, Takuya Kuroyanagi

Shin-ichi Yokobori, & Akihiko Yamagishi

(Lab. Extremophiles, Dept. Applied Life Sci., Sch. Life Sci., Tokyo Univ. of Pharm. Life sci.)

Woeseら(1990; PNAS 87:4576-4579)は、16S/18S rRNA に基づ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。この3ドメイン間の系統関係、特に真核生物の系統学的位置については、3ドメイン説と2分岐説の間で議論されているが、結論は出てない。近年ではゲノムデータの増加に伴い、多くの遺伝子を同時に用いた全生物の系統解析が報告されている。この結果を基に、真核生物の系統学的位置について議論されているが、アラインメントの正確さが低いことや遺伝子水平伝播の影響を十分に考慮できていないなどの問題点がある。よって、3ドメイン間の系統関係の議論は、現在も進行中である。

本研究では、22種のアミノアシルtRNA合成酵素(ARS)を用いてそれぞれの遺伝子の分子系統樹を作成し、それを比較することで全生物の系統関係を議論した。現存する生物は全て翻訳系をもっており、少なくとも全生物共通祖先以前にこのシステムが成立したと考えられることから、ARSの進化を調べる事は生命の初期進化の本質的理解に繋がる。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。また、真核生物のミトコンドリアや葉緑体で使用されるARSは細胞質で使用されるARSとは別の進化経路を辿っていることが知られており、それらの進化経路を正確に辿ることでオルガネラの成立や真核生物の進化の過程で起こった遺伝子水平伝播について明らかにする。

BLAST検索を用いて22種のARS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)を収集し、データセットを構築した。それぞれのデータセットについてアライメントを行い、最尤法(RAxML)とベイズ法(PhyloBayes)を用いてそれぞれの遺伝子系統樹を作成した。解析の結果、真核生物の系統学的位置はいずれの遺伝子でも古細菌もしくは真正細菌の内群となり、2分岐説が支持された。しかし、遺伝子によって最も近縁な生物種が違っていることから、真核生物の遺伝子が複数の生物に由来すること、また生物の進化の初期には広範な遺伝子水平伝播があったことを示唆している。この結果から真核生物の起源やオルガネラの起源について議論したい。またこの22種のARSには全生物普遍的に分布していない遺伝子も含まれており、それらの分布と進化に基づく翻訳系の進化も議論する予定である。