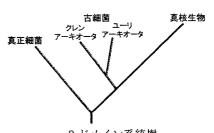
一般講演6

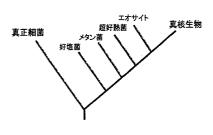
全生物の系統関係やその共通祖先についての議論は続いている。Woeseら(1990; PNAS 87:4576-4579)は16S/18S rRNA を用いた分子系統樹を作成し、全生物を3つのドメインに分類した。一方、Lakeら(1992; Science 257:74-76)は EF-Tu/1 α 、EF-G/2 の一次配列のインデル (indel、挿入 insertion と欠失deletion) に着目し、Eocyte (ほぼ Crenarchaeota に相当する)は真核生物と共に単系統になり、メタン細菌や高度好塩菌(Euryarchaeotaに相当する)はその姉妹群になることを示唆した。この2つの提案は古細菌の単系統性について相容れず、論争が続いている。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系統樹を作成し、全生物の共通祖先の系統学的位置の推定を行ってきた。また、祖先配列推定を行い、それを基にタンパク質を復元し、全生物共通祖先がどのような生物であったかを調べてきた。本研究では、クラスIaタイプのアミノアシルtRNA合成酵素(ARS)であるイソロイシルtRNA合成酵素(IeRS)、ロイシルtRNA合成酵素(LeuRS)、バリルtRNA合成酵素(ValRS)、メチオニルtRNA合成酵素(MetRS)を用いて分子系統樹を作成し、全生物の系統関係を議論する。これら4つの酵素は現存する全生物が持っているため3つのドメインの関係性が議論できると考えられる。

まず、4つのARSのアミノ酸配列(118種:真正細菌57種:古細菌23種:真核生物38種)をNCBIの配列データベースより収集し、各々の酵素単位で解析に適さない配列を除外し、



3 ドメイン系統樹 (Woese et al. 1990; *PNAS* 87:4576-4579)



2 分岐系統樹 (Rivera&Lake 1992; Science 257:74·760)

データセットを構築した。MAFFTを用いてアラインメントを行い、最尤法プログラムであるRAxMLとベイズ法プログラムであるPhyloBayesを用いて各々の酵素の分子系統樹を作成した。その結果を報告する。

一般講演7

アミノアシル tRNA 合成酵素を用いた全生物の分子系統解析 〇中川穂、横堀伸一、山岸明彦 東京薬科大学大学院 生命科学科専攻 細胞機能学研究室

全生物は真核生物、真正細菌、古細菌の 3 つに分けられるとする 3 ドメイン説が現在広く受け入れられている。(Woese, C. R. et al., 1990) しかし、ドメイン間の系統関係については諸説ある。例えば、古細菌が 1 つのドメインにならず、真核生物が古細菌の内群となる Eocyte 説(Rivera, M. C. & Lake, J. A., 1992)など、3 ドメイン説に対立する仮説もが存在し、議論が続いている。

また、多くの生物に共通するタンパク質があることなどから、全生物は 1 つの共通する祖先から進化してきたと広く考えられている。共通祖先の系統学的位置は、共通祖先以前での遺伝子重複によって生じたパラログな遺伝子とされる配列を用い、複合系統樹を作成する事によっての推定できると提案された。(Iwabe. N. et al., 1989)

我々のグループは全生物の系統関係および、全生物の共通祖先の系統学的位置を明らかにする事を 目標とし、様々なタンパク質を用いて分子系統解析を行っている。

本研究では、解析のターゲットとしてアミノアシル tRNA 合成酵素 (ARS) に注目した。ARS の分子系統解析を行う。ARS は翻訳系に関わる酵素であるため、どのドメインの生物も持っていると期待される。

本研究では、すでに解析されたアミノ酸配列データを用いて解析を行う。本研究室で作成された 118 種からなるデータベースより目的タンパク質のアミノ酸配列を収集し、分子系統解析を行っている。これまでに Class II ARS である SerRS, ThrRS の解析を行ってきた。現在は、同じく Class II ARS の ProRS の解析を進めている。 ProRS を解析した後、SerRS, ThrRS, ProRS の 3 つの ARS を用いた SerRS/ThrRS/ProRS 複合系統樹を作成する。また、Class I ARS である TrpRS 及び TyrRS の解析も 進めており、TrpRS/TyrRS 複合系統樹を作成する。

ここでは、得られている SerRS, ThrRS 個別の系統樹を用い、全生物と真核生物の系統的位置関係について、特に真核生物の起源に焦点を当て、議論する。