

地球生物環境研究部門

分子系統進化学分野

1. メンバー

教授 橋本哲男

准教授 稲垣祐司

2. 概要

生物科学分野では、真核生物の主要グループ間の系統関係解明に向け、主に3つの「柱」を設定し研究を進めている。

1. **新奇真核生物の発見** 真核生物の多様性の大部分は肉眼で認識することが難しい単細胞生物であり、これまでの研究によりでは真核生物多様性の全体像を十分に把握しているとは言い切れない。そこで自然環境からこれまでに認識されていない新奇真核生物を単離・培養株化しすることを目指している。

2. **大規模配列データ解析** 真核生物の主要グループ間の系統関係を分子系統学的に解明するには、大規模遺伝子データが必須である。そこで系統進化的に興味深い生物種を選び、培養と遺伝子データの取得をおこなっている。そのデータを基に、大規模配列データ解析を行い正確な真核生物系統の推測を目指している。

3. **分子系統解析の方法論研究** 分子系統解析においては、解析する配列データの特長、使用する解析法・配列進化モデルなどにより、系統推定に偏りが生じることが知られている。これまでの方法論は、単一遺伝子データに基づいて研究されてきたが、複数遺伝子から構成される大規模配列データを解析するための方法論の検討はそれほど進んでいない。そこで、大規模配列データ解析においてより偏りの少ない推定を目指し、方法論的研究を行っている。

3. 研究成果

【1】大規模配列データ解析による真核生物分子系統解析

(1) 紅藻類・緑色植物間の系統関係の検討 (稲垣, 橋本)

川の仲間である紅藻類と、クロレラなどを含む緑藻類や陸上植物をふくむ「緑色植物」は単系統であると考えられてきた。30,000 アライメントポジション以上を含む巨大配列データ解析では、紅藻類・緑色植物間の近縁性は強く復元されているが、それよりもサイズの小さな配列データ(約 10,000 ポジション以下)に基づく解析では、紅藻類・緑色植物間の近縁性が不安定である。我々は 10,000 ポジション以上をふくむに 27 遺伝子データを生成し、系統解析を行った。10,000 ポジション以下の配列データ解析では、紅藻類・緑色植物間の近縁性に対するサポートは、データサイズよりもどのような遺伝子が含まれるか(遺伝子のサンプリング)により大きく変動することが判明した。系統解析プログラム Tree-Puzzle を我々自身で並列化し、PACS-CS およびグリッドコンピュータを用いてこの解析を行った。

(2) ハプト藻類・クリプト藻類の近縁関係の解明 (稲垣)

ハプト藻類とクリプト藻類は「クロモアルベオラータ」と呼ばれる巨大生物群に含まれると考えられてきたが、その真核生物系統における位置は不明のままであった。稲垣は、ブリティッシュコロンビア大学 P. Keeling と N. Patronとの共同研究により、ハプト藻類とクリプト藻類から大量遺伝子データを取得し、最終的に102 遺伝子・1万アミノ酸座位以上の巨大配列データを用意した。このデータを用いた解析により、これら 2 種類の光合成真核藻類が互いに姉妹群であることを世界に先駆けて明らかにした。その解析結果はハイインパクトジャーナル (IF=10.988; 2006)である Current Biology に掲載された。

3. 研究業績

(1) 研究論文

- 1 Yubuki N, Inagaki Y, Nakayama T, Inouye I. 2007 Ultrastructure and ribosomal RNA phylogeny of the free-living heterotrophic flagellate *Dysnectes brevis* n. gen., n. sp., a new member of the Fornicata. 2007 Journal of Eukaryotic Microbiology 54(2):191-200.
- 2 Kamikawa R*, Inagaki Y*, Sako Y. Fragmentation of mitochondrial large subunit rRNA in a dinoflagellate *Alexandrium catenella* and the evolution of rRNA structure in alveolate mitochondria. 2007 Protist 58(2):239-245.
*Joint 1st authors.
- 3 Takishita K, Yubuki N, Kakizoe N, Inagaki Y, Maruyama T. Diversity of microbial eukaryotes in sediment at a deep-sea methane cold seep: surveys of ribosomal DNA libraries from raw sediment samples and two enrichment cultures. 2007 Extremophiles 11:563-576.
- 4 Patron NJ, Inagaki Y, Keeling PJ. Multiple gene phylogenies support the monophyly of cryptomonad and haptophyte host lineages. 2007 Current Biology 17:887-891.
- 5 Iida K, Takishita K, Ohshima K, Inagaki Y. Assessing the monophyly of chlorophyll-*c* containing plastids by multi-gene phylogenies under the unlinked model conditions. 2007 Molecular Phylogenetics and Evolution 45(1): 227-238.
- 6 Sakaguchi M, Inagaki Y, Hashimoto T. Centrohelida is still searching for a phylogenetic home: analyses of seven *Raphidophrys contractilis* genes. 2007 Gene 405(1-2):47-54.
- 7 Yoshikawa H, Wu Z, Howe J, Hashimoto T, Geok-Choo NG, Tan KSW. Ultrastructural and phylogenetic studies on *Blastocystis* isolates from cockroaches. 2007 Journal of Eukaryotic Microbiology 54:33-37
- 8 Makiuchi T, Nara T, Annoura T, Hashimoto T, Aoki T. Occurrence of multiple, independent gene fusion events for the fifth and sixth enzymes of pyrimidine biosynthesis in different eukaryotic groups 2007 Gene 394:78-86.
- 9 Tanabe K, Escalante A, Sakihama N, Honda M, Arisue N, Horii T, Culleton R, Hayakawa T, Hashimoto T, Longacre S, Pathirana S, Handunnetti S, and Kishino H. Recent independent evolution of msp1 polymorphism in *Plasmodium vivax* and related simian malaria parasites. Molecular and Biochemical Parasitology 2007 156:74-79.
- 10 Maki Y, Hashimoto T, Zhou M, Naganuma T, Ohta J, Nomura T, Robinson CV, Uchiumi T. Three binding sites for stalk protein dimers are generally present in ribosomes from archaeal organism. 2007 Journal of Biological Chemistry

282: 32827-32833.

- 11 Takishita K, Kawachi M, Noël, M-H, Matsumoto T, Kakizoe N, Watanabe MM, Inouye I, Ishida K, Hashimoto T, Inagaki Y. Origins of plastids and glyceraldehydes-3-phosphate dehydrogenase genes in the green-colored dinoflagellate *Lepidodinium chlorophorum*. 2008 *Gene* 410(9): 26-36.
- 12 Nishimoto, Y., Arisue, N., Kawai, S., Escalante, A.A., Horii, T., Tanabe, K., and Hashimoto, T. Evolution and phylogeny of the heterogeneous cytosolic SSU rRNA genes in the genus *Plasmodium*. 2008 *Molecular Phylogenetics and Evolution* 47: 45-53.
- 13 Makiuchi T, Annoura T, Hashimoto T, Murata E, Aoki T, Nara T. Evolutionary analysis of synteny and gene fusion for pyrimidine biosynthetic enzymes in Euglenozoa: an extraordinary gap between Kinetoplastids and Diplonemids. 2008 *Protists* 159: 459-470.

(2)学会発表

(A)招待講演

- 1 稲垣祐司 第71回植物学会大会(東京理科大・野田) シンポジウム 「一次植物における elongation factor (EF)-like 遺伝子の侵入・EF-1 α 機能乗取り」 2007年9月8日 (Domestic・Oral)
- 2 橋本哲男 The 7th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Training Course 4 'Molecular phylogenetic studies in parasitology' 2007年9月2日 (International・Oral)
- 3 橋本哲男 第27回日本微生物系統分類研究会シンポジウム(富士吉田) 「ミトコンドリアをもたない真核生物の系統進化」 2007年11月16日 (Domestic・Oral)

(B)その他の学会発表

- 1 稲垣 Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution (Dalhousie University, Halifax NS, Canada) 「Maximum-likelihood bootstrap support and heuristic tree search」 2007年6月24-28日 (International・Oral)
- 2 稲垣 第3回日本進化原生生物研究会(海洋研究開発機構・横浜) 「102核コード遺伝子に基づくクリプト藻類・ハプト藻類の系統関係: "Cryptomonads"」 2007年7月7-8日 (Domestic・Oral)
- 3 橋本 第3回日本進化原生生物研究会(海洋研究開発機構・横浜) 「アピコプラストコード4遺伝子の結合データに基づくマラリア原虫の分子系統解析」 2007年7月7-8日 (Domestic・Poster)
- 4 稲垣 International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis (Gmunden, Austria) 「Monophyly of chlorophyll-*c* containing plastids?: multigene phylogeny under the unlinked/separate model conditions」 2007年9月10-13日 (International・Oral)
- 5 稲垣 Asia-Africa Evolution Meeting アジア・アフリカ進化会議—長谷川政美退官記念シンポジウム (生命の森リゾート 日本エアロビクスセンター:千葉県長生郡長柄町上野 521-4) 「Eukaryotic origin of glyceraldehydes-3-phosphate dehydrogenase genes in *Clostridium thermocellum* and *Clostridium cellulolyticum* genomes」 2007年12月4-7日 (International・Poster)
- 6 稲垣 第32回日本藻類学会(東京海洋大・品川) 「霞ヶ浦、磯ノ浦における真核微生物の分

子多様性解析」 2008年3月23日 (Domestic・Oral)

4. シンポジウムの開催

2008年3月25、26日 国際シンポジウム「Protist Biology – Cellular Functions, Evolution, and Environmental Impact」 主催:平成19年度筑波大学プレ戦略イニシアチブプログラム「地球—生命—人類の持続的共存のための新プロティストロジー創出へ向けた教育研究拠点形成(代表:井上勲)」 講演者(国外7名・国内12名)