

受付 ID	16a25
分野	生物

phylogenomics データによる真核生物大系統解析

Phylogenomic study for understanding the global eukaryotic phylogeny

稲垣祐司

筑波大学計算科学研究センター

1. 研究目的

これまで我々は各種自然環境より新奇単細胞真核生物（真核微生物）を単離し、実験室内で継代可能な培養株を確立し、トランスクリプトームデータに基づく大規模系統解析を行うことでその系統的位置を探求してきた。我々は生物の単離→形態観察→リボソーム RNA 系統解析→大規模系統解析を多様な真核微生物に適用することにより、真核生物の主要系統群がどのような順番で分岐してきたか、すなわち真核生物大系統の解明を目指している。真核生物大系統の解明に向けた一歩として、本年度では未記載真核微生物 SRT308 株について大規模系統解析を行い、その系統的位置を確定することを目的とした。

2. 研究成果の内容

SRT308 株はパラオ共和国で採取された海水サンプルから単離された真核微生物である。予備的な顕微鏡観察で把握された形態的特徴、リボソーム RNA 遺伝子配列に基づく系統解析では、この生物の系統的位置を確定することが出来なかった。

そこで SRT308 株のトランスクリプトームデータ基盤に 157 遺伝子から構成されるアライメントを作成した。我々は 157 遺伝子アライメントを最尤法とベイズ法により解析することで、SRT308 株の系統的位置がユーグレノゾア生物群の基部であることを明らかにした。

3. 学際共同利用として実施した意義

学際共同利用リソースとして COMA を使用することで、自然環境から見出した新奇真核微生物 SRT308 株の系統的位置を迅速に確定することができた。この成果は、筑波大学計算科学研究センターの生命科学研究部門・分子進化分野のめざす真核生物大系統解明へむけた着実な一歩である。

4. 今後の展望

SRT308 株の系統的位置がユーグレノゾア生物群の基部であることが確定できたため、本生物がユーグレノゾア生物群の初期進化を理解するための足掛かりとなることが明らかとなった。特に注目すべきは SRT308 株のミトコンドリア (Mt) ゲノムがどのような姿かである。これまでの研究によりユーグレノゾア生物群は、主に 3 つのサブグルー

プ、すなわちキネトプラスト類、ディプロネマ類、ユーグレナ類から構成されることが判っているが、それらの Mt ゲノム構造は多様である。キネトプラスト類の Mt ゲノムは大きな環状 DNA に数千の小さな環状 DNA が連結されている。ディプロネマ類では、Mt ゲノムは 500 以上の環状 DNA から構成され、それぞれの DNA は遺伝子の部分配列がコードされている。この部分配列は転写後に互いに連結され成熟 mRNA となることが判っている。ユーグレナ類の Mt ゲノムは、複数の線状 DNA から構成されており、コード領域の分断化などは起こっていない。今後 SRT308 株の Mt ゲノムを決定することで、ユーグレノゾア生物群の祖先型 Mt ゲノムがどのような姿をしていたかを解明するきっかけを得ることが出来る。

5. 成果発表

(1) 学術論文

なし

(2) 学会発表

- ① Takashi Shiratori, Euki Yazaki, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto, Ken-ichiro Ishida. Characterization of strain SRT308; a new heterotrophic flagellate basal to Euglenozoa. Protist-2016, 2016 年 6 月 6-10 日, Moscow State University (モスクワ・ロシア)
- ② 矢崎裕規, 白鳥峻志, 久米慶太郎, 橋本哲男, 石田健一郎, 稲垣祐司. 真核生物進化の空白を埋める！分子系統解析が解き明かすプロティストの系統関係. 日本進化学会第 18 回大会, 東京工業大学 (東京目黒区)
- ③ Euki Yazaki, Takashi Shiratori, Tetsuo Hashimoto, Ken-ichiro Ishida, Yuji Inagaki. A phylogenomic study placed a previously undescribed eukaryote, strain SRT308, at the base of the Euglenozoa clade. ICES 2016, 2016 年 9 月 10-14 日, 京都府立大学 (京都府京都市)
- ④ Euki Yazaki, Takashi Shiratori, Tetsuo Hashimoto, Ken-ichiro Ishida, Yuji Inagaki. 153 genes phylogenetic analysis indicated a newly single-celled eukaryote, strain SRT308, as a deep-branching Euglenozoan. Genome Evolution at Mishima, 2017 年 3 月 27-29 日, 国立遺伝学研究所 (静岡県三島市)

(3) その他

なし

使用計算機	使用計算機に○	配分リソース*
HA-PACS		
HA-PACS/TCA		
COMA	○	187.5
※配分リソースについては 32node 換算時間をご記入ください。		