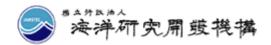
プレスリリース



2014年 1月 23日 独立行政法人海洋研究開発機構

真核生物におけるリボソーマルRNA遺伝子の種をまたぐ伝搬を世界で初めて発見

1. 概要

独立行政法人海洋研究開発機構(理事長 平 朝彦、以下「JAMSTEC」という。)海洋・極限環境生物圏領域の矢吹彬憲研究員らは、真核生物(<u>※1</u>)の1種であるシリオフリス インフュージョナム(*Ciliophrys infusionum*,以下「シリオフリス」という。)が、2種類のリボソーマルRNA(rRNA)(<u>※2</u>)遺伝子を持つことを世界で初めて発見しました。さらに、2種類のrRNA遺伝子のうち1つは、異なる真核生物から遺伝子が種をまたいで伝搬(水平伝播(<u>※3</u>))したものであることを明らかにしました。

これまでは、人間も含む真核生物のrRNA遺伝子は、祖先種から受け継いだ1種類のみであり水平伝播しにくいと考えられていました。この性質からrRNA遺伝子は、環境中に生息する微生物を把握する環境DNA解析(<u>※4</u>)における指標として広く利用されてきました。今回、rRNA遺伝子の水平伝播が真核生物において確認されたことから、環境DNA解析による真核生物の多様性評価を行うために、より詳細な解析が必要であることが明らかになりました。

環境中には未発見の真核微生物が数多く存在しており、それらを発見・解析することが真核生物の初期進化を理解する上で重要であると考えられています。環境DNA解析はこの解明に向けた基盤的な手法であり、今回の発見は本手法に新たな知見を与え、今後の研究の発展に寄与するものです。

本成果は、The ISME Journalに1月23日付け(日本時間)で掲載される予定です。

タイトル: Lateral transfer of eukaryotic ribosomal RNA genes: an emerging concern for

molecular ecology of microbial eukaryotes

著者: 矢吹 彬憲1、豊福 高志1、瀧下 清貴1

1. 海洋研究開発機構 海洋・極限環境生物圏領域

2. 背景

ある環境中にどのような生物種が生息しているかを把握することは、生物学の主要な研究課題の1つです。この研究課題を執り行う上で、近年盛んに用いられている研究手法の1つが環境DNA

解析です。この手法は、観察が困難な泥などの堆積物中に生息する生物や体細胞サイズが小さい 微生物の存在を効率的に検出できるとして、様々なフィールドにおける生物の多様性解析に用い られてきました。

単細胞性真核生物(真核微生物)の多様性/分布に着目した環境DNA解析では、塩基配列の保存性が高く、かつ生物種間ごとの違いを検出しやすいことから、18S rRNA遺伝子の塩基配列が広く用いられてきました。18S rRNA遺伝子を含むrRNA遺伝子は、細胞内でタンパク質合成の場であるリボソームを構成するRNA分子の情報を有しており、全ての生物種に共通して存在しています。またその性質上、水平伝播が極めて起こりにくい遺伝子だと考えられており、実際に真核生物からはrRNA遺伝子の水平伝播は報告されていませんでした。このため、環境DNA解析においてrRNA遺伝子は信頼性が高い分子マーカーであると考えられてきました。

3. 成果

今回、真核生物の多様性/多様化プロセスの解明を目的とした研究の一環として、我々は甑島(鹿児島県薩摩川内市)に位置する貝池より底泥の採集を行い、その試料中に生息していたシリオフリス(ヘテロコンタ上門、オクロ植物門、デクティオカ藻綱に属す)の培養株を確立しました。確立されたシリオフリスの系統的位置を確認すべく、抽出したDNAを用いて18S rRNA遺伝子を増幅したところ、異なる2種類の配列が存在することを発見しました。分子系統解析(※5)から、それら2種類の18S rRNA遺伝子は、1)シリオフリスが長い進化の中で祖先種から受け継いできたもの、2)系統的に離れた寄生性単細胞真核生物であるパーキンサス類(アルベオラータ上門、ミゾゾア門、パーキンサス綱に属す)に起源を持つもの、であることが示されました。これまで真核生物では、18S rRNA遺伝子の配列は、基本的に1つの生物につき1種類であると考えられてきたため、パーキンサス類に起源を持つ配列(以降、アルベオラータ型18S rRNA遺伝子と呼ぶ)がシリオフリスより検出されたことは驚くべき結果でした。

次にアルベオラータ型18S rRNA遺伝子が、真にシリオフリスのゲノム内に存在しているのかを 把握すべく、シリオフリスの部分的なゲノム解読を行いました。その結果、アルベオラータ型18S rRNA遺伝子はシリオフリスのタンパク質コード遺伝子と近接して存在していること(つまり、ア ルベオラータ型18S rRNA遺伝子はシリオフリスのゲノム内に存在している)が確認されました。

シリオフリスとパーキンサス類は系統的に遠く離れた生物であり、これまでシリオフリスに近縁な生物種から同様の報告はなされていなかったため、今回確認されたアルベオラータ型18S rRNA遺伝子は、比較的最近にシリオフリスのゲノム上へ水平伝播によって獲得されたものであるとの結論に至りました。

なお本研究は科学研究費補助金 新学術領域研究「マトリョーシカ型進化原理」による支援を受けて行われました。

4. 今後の展開

今回の発見は、環境DNA解析によって真核微生物の多様性を議論する際の新たな問題点(すなわち、環境中に「生物種A」が存在していなくても、水平伝播によって獲得された「生物種AのrRNA遺伝子」を持つ「生物種B」が存在することで、環境DNA解析からは生物種Bの存在とともに生物種Aの存在もまた示唆されてしまう)を明らかにしました。

真核生物間でのrRNA遺伝子の水平伝播が、自然環境中でどの程度の頻度で起こっているのかは 今後検証する必要がありますが、分子配列のみに着目し環境中の真核微生物の多様性を議論する 際の新たな注意点になると考えられます。

また、これまでに環境DNA解析によって、所属生物が不明な新規系統がいくつも報告されています。これは環境中に未発見の真核生物が多く存在することを示唆しており、そのうちの幾つかは真核生物進化のごく初期に分岐したものと推定されることから、それらの未発見生物を同定・解析することが、真核生物の初期進化を理解する上でも重要であると考えられています。この新種候補生物については、現在多くの研究者により探索・調査されていますが、今回の研究成果により、今後は調査を行った環境(最初に配列が確認された環境)に本当に存在しているのか詳しく確認していく必要性が示されています。

[用語解説]

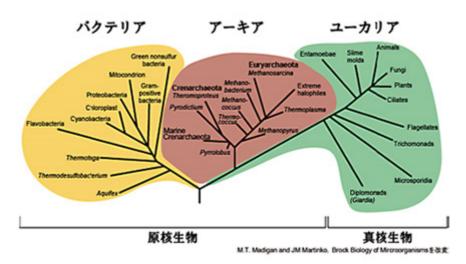
※1 真核生物:動物、植物、菌類、原生生物など、身体を構成する細胞の中に細胞核と呼ばれる細胞小器官を有する生物。

【参考】.

地球上の全ての生命体は三つのドメイン(※)に分類される:人間などの動物や植物は真核生物(ユーカリア)に、大腸菌や納豆菌などの微生物はバクテリアに、超好熱菌や高度 好塩菌などの極限環境微生物の多くはアーキアに分類される。

※:ドメイン

リボソーム(タンパク質合成反応を担う細胞小器官)に含まれるRNAの遺伝子配列に基づき分類される、生物階層構造の最上位の分類単位。地球上のあらゆる生命体は、ユーカリア(真核生物)・バクテリア(真性細菌)・アーキア(古細菌)の三つのドメインに分けられる。



※2 リボソーマルRNA:リボソーム(タンパク質合成反応を担う細胞小器官)に含まれるRNA。RNAとはDNA(デオキシリボ核酸)の情報を基に合成されるリボ核酸のこと。

※3 遺伝子の水平伝播:遺伝子は、世代を通じて垂直方向へ伝播する以外に、異なる生物種をまたいで水平的に伝播することが知られている。この水平的な伝播を「遺伝子の水平伝播(あるい

は水平転移)」とよぶ。水平伝播した遺伝子は、伝播先の生物ではなく伝播元となった生物の系統的情報を有しているため、分子系統解析など生物の系統推定を行う際に問題となる。

※4 環境DNA解析:環境中に生息している生物相を、観察や培養を介さず、泥や水などの環境試料より直接抽出したDNAを解析することで推定する方法。

※5 分子系統解析:アミノ酸配列や塩基配列を使って、生物間または遺伝子の進化的道筋(系統)を解明する解析。

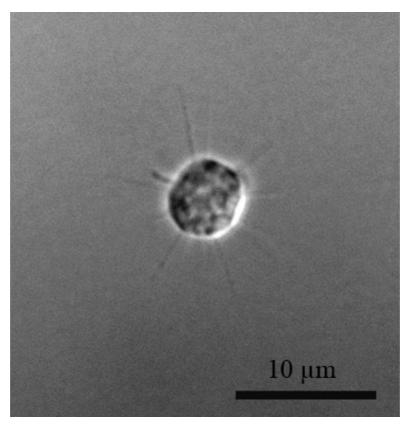


図1 今回、水平伝播によって獲得したrRNA遺伝子を持つことが確認された単細胞真核生物シリオフリス。ヘテロコンタ下界、オクロ植物門、デクティオカ藻綱に属し、バクテリアなどの小さな単細胞生物を軸足と呼ばれる針状の突起物で絡めとって捕食し生活している。本種は、細胞内に縮退化した葉緑体(白色体)を有し、二次的に光合成能を失った生物である。

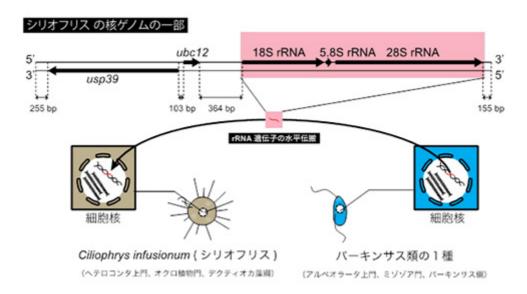


図2 今回確認されたパーキンサス類からシリオフリスへのrRNA遺伝子の水平伝播の概要図。一般的にrRNA遺伝子はゲノム内で、18S rRNA/5.8S rRNA/28S rRNAという3つのrRNA遺伝子を1セットに並んで存在している。今回は確認された水平伝播では、この1セットがそのままの形で伝播したことがゲノム塩基配列によって示唆された。

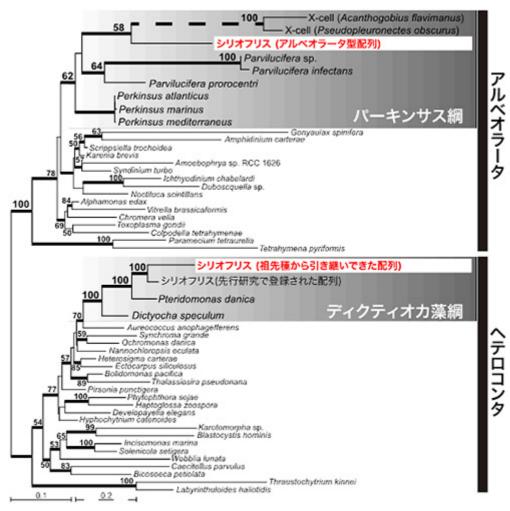


図3 今回確認された2種類の18S rRNA遺伝子配列の起源を示す分子系統樹。最尤法によって構築。白枠内赤字で示したものが今回、獲得/解析した2種類の配列。

(本研究について)

海洋·極限環境生物圏領域 研究員 矢吹 彬憲 (報道担当)

広報部 報道課長 菊地 一成