

## シアノバクテリアの多細胞体制の分子機構と系統進化

### Evolution of multicellularity in cyanobacteria: molecular genetic and genomic approaches

富谷 朗子<sup>1\*</sup>

TOMITANI, Akiko<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> 独立行政法人海洋研究開発機構

<sup>1</sup>Institute of Biogeosciences, JAMSTEC

生物にとって多細胞性の獲得は、形態や機能の多様性・複雑性の拡大に結びつく、最も重要な進化的イベントの一つである。それでは、生物はいつ・どのように多細胞性を獲得したのだろうか？本研究では、生物進化史上、最も早く多細胞体制を獲得した生物のひとつと考えられる糸状性シアノバクテリアを材料に、分子遺伝学的手法により細胞分化を制御する新規遺伝子の単離・同定を行い、さらに分子系統解析およびゲノム比較を通じて、シアノバクテリアにおける多細胞体制の進化過程とその遺伝的背景について考察した。

シアノバクテリアは約 27 億年前までに地球上に出現した最初の酸素発生型光合成生物であり、地球史を通じ一次生産者や酸素の供給源として環境や生物の進化に大きな影響を及ぼしてきた。その進化の解明は、地球生命圏史を理解する鍵である。

シアノバクテリアは細菌のなかでも多様で複雑な形態を持ち、その形態的特徴は現生種の分類における主要な基準となっている。特に糸状性シアノバクテリアでは、環境条件に応じて細胞が 4 種類に分化し、また分枝構造を持つものがあるなど、原核生物でありながら多細胞生物的な特徴を持つ。このような形態的特性は化石種の同定の大きな手掛かりとなることから、シアノバクテリアは原生代の微生物化石のなかでも特によく研究されてきた。しかし、地質学的な証拠、特にプレカンブリア代の試料は質・量的に限られ、シアノバクテリアの初期進化過程や古環境変動との関係を復元することは困難である。

そこで力を発揮するのが、現生種の遺伝情報に基づく分子生物学的アプローチである。シアノバクテリアは「生きた化石」であり、その遺伝子には過去数十億年にわたって環境・生態系の変動を生き延びてきた、生物としての歴史-変異と淘汰の結果-が刻まれている。したがって、遺伝子情報を読み解くことによって、逆にその進化過程や古環境への適応に関する手掛かりが得られることが期待される。さらにシアノバクテリアでは、1996 年に単細胞性の *Synechocystis* sp. PCC6803 株で全ゲノムが解読されてから、現在までに 80 を超える多様な種/株でゲノム配列が決定され、系統進化の議論もポスト・ゲノム時代に入っている。

発表者らはこれまでに、糸状性シアノバクテリアのモデル生物 *Nostoc punctiforme* ATCC29133 株を材料にトランスポゾン挿入による変異体を作成・スクリーニングし、分化細胞の一つであるホルモゴニアの形成変異体を単離することに成功した。ホルモゴニアは物理環境の変化や共生宿主（植物）の存在によって誘導される、一時的な運動性を持つ分化細胞であり、分散や植物との共生に重要な役割を担うものである。このようにホルモゴニア形成は発生・生態・進化学的に興味深い現象であるが、その形成の分子機構や進化的背景の詳細は不明であった。得られた変異体の原因遺伝子を調べたところ、その一つは Ser/Thr 型タンパク質リン酸化酵素（プロテインキナーゼ）をコードし、情報伝達に関与することが示唆された。これは複数の機能部位からなるマルチドメイン型の酵素であることから、そのドメイン構造・構成を手掛かりに、シアノバクテリアのゲノム情報を用いてその系統的分布を明らかにし、分子系統情報と統合することで進化過程を推察した。

近年、シーケンシング技術の発達により、遺伝子情報はより高速・大量・安価に得られるようになり、ゲノム解析も多様な生物種を対象とすることが可能となった。今後は、こうしたゲノムレベルの機能・系統解析の一方で、分子遺伝学的手法による遺伝子機能の検証、生理・生態学的な表現型解析、モデリング等の理論的背景の構築、そして古環境や化石情報との統合、等を組み合わせた複合的・学際的なアプローチを進めることによって、生物進化の全体像がすこしずつ明らかになっていくだろう。

キーワード: 多細胞性, 進化, シアノバクテリア, ゲノム, 分子生物, 化石

Keywords: multicellularity, evolution, cyanobacteria, genome, molecular biology, fossil