

真核生物の種に特異的なアミノ酸配列 Amino acid sequence specifying eukaryotic species

中村 郁郎^{1*}, 真壁 壮¹, 高橋 弘子², 森泉 俊幸²

NAKAMURA, Ikuo^{1*}, MAKABE So¹, TAKAHASHO Hiroko², MORIIZUMI Toshiyuki²

¹ 千葉大学園芸学研究科, ²(株)ベックス

¹Grad. Sch. Hort., Chiba U., ²Bex Co.

真核生物は、約 20 億年前に誕生し、原生物、菌類、植物、動物へと多様な進化を遂げてきた。これらの生物の進化を解明するためには、種の識別が必要である。これまで、生物の種の識別は、リンネが確立した形態に基づいた 2 名法に基づいて行われてきた。しかし、DNA 塩基配列解析技術の急速な発展および形態分類に精通した専門家の減少などを背景として、DNA 塩基配列に基づいた生物種の分類法に関する研究が盛んになっている。カナダの Hebert 博士のグループは、ミトコンドリアのシトクローム c オキシダーゼ (COI) 遺伝子の塩基配列を用いて、生物の種を識別するための DNA barcode とする DNA barcoding を提唱した (Hebert et al. 2003)。カナダは、国策として DNA barcoding プロジェクトを推進している。また、国際コンソーシアムも組織されており、現在までに数十万種の COI 遺伝子のデータが収集されている。また、次世代のギガシーケンサーの登場により、さまざまな生物において全ゲノムの塩基配列の解析が進行している。全ゲノム配列情報を解析し比較できれば、種を決めている分子機構を解明できると期待される。しかし、現在までに真核生物の多数の種の全ゲノム配列情報が解明されているが、種を識別するための普遍的な手法については、まだ手掛かりが得られていない。

分子生物学的手法を用いた生物種の分類法が一般社会に受け入れられるようにするためには、簡単に種を同定できることが必要である。全ゲノムあるいは多数の遺伝子の塩基配列を解析しなければ、種を識別できないシステムを構築しても実用的ではないと思われる。このために、生物種をできるだけ短い文字列で記載することも重要である。専門家でなければ理解できない複雑な文字列を用いて記載しても一般には受け入れられないであろう。この 2 つの点において、DNA barcoding は有用な方法であると考えられる。葉緑体およびミトコンドリア DNA は、種を識別するために有効なマーカーである。しかし、種の分化には直接関係ないと考えられる。また、真核生物の 45S リボソーム RNA (rRNA) 遺伝子の ITS 配列は、種に特異的な変異を示すけれども核内に数百コピーあるので正確な配列の解析が難しいという課題がある。そこで、私達は、細胞核に存在する 1 個のシングルコピー遺伝子の分子配列を用いて、種を識別するシステムを構築することが必要であると考えている。

中村 (2010) は、真核生物の核ゲノムにある 1 個のシングルコピー *PolA1* 遺伝子の配列情報を用いて真核生物の種を識別できることを報告した。*PolA1* 遺伝子は、45S rRNA の合成に関与する RNA ポリメラーゼ I の最大サブユニット (POLA1) をコードしている。この POLA1 タンパク質の C 末端領域に真核生物の種の識別に有効な Protein tag (Ptag) 配列が含まれている。Ptag 配列は、平均 370 アミノ酸で、真核生物で高度に保存されている PBL (20 aa) および PBR (16 aa) に挟まれている。原生物、菌類、植物、動物の各界よりそれぞれ 5 種の Ptag アミノ酸配列と COI 遺伝子の塩基配列の同一性を総当たりで比較したところ、その両端には、COI 遺伝子の塩基配列は、原生物、菌類、動物においては 65 % 程度の同一性を示し相互に分化しているが、植物においては 90 % 以上の同一性を示すために種の分類には有効ではないと思われる (Kress et al. 2005)。一方、Ptag 配列は、すべての生物の種間で 40 % 程度の低い同一性を示し (図 1)、種の分類に有効であると思われる。現在までに約 450 種の真核生物の Ptag 配列が収集されているが、全真核生物の系統樹において、ヒトとチンパンジーの違いが分かる程の高感度である。一方、感度が高すぎるので、高次の分類体系を解明するためには、体系的に多数の生物種を解析してデータベースを構築する必要があると考えられる。

DNA barcoding が著しく進展しているなかで、新たな分子分類方法を提案することは無駄と考えられるかもしれない。しかし、COI 遺伝子はミトコンドリアの遺伝子であるのに対して、Ptag 配列は核遺伝子にコードされているので、相互に補完するデータベースを構築できると考えられる。そして、両者の解析結果に矛盾が認められた場合は、遠縁交雑などの新たな種分化を見いだす契機になると考えられる。また、リボソーム RNA の合成において重要な機能を持つ POLA1 サブユニットの内部に超可変 Ptag 配列が含まれている理由は興味深く、Ptag 配列はアミノ酸配列であるので、DNA 配列情報と形態形成とを繋ぐ研究などに発展できる可能性があると考えられる。

キーワード: 真核生物, 進化, *PolA1* gene, RNA ポリメラーゼ I

Keywords: Eukaryote, evolution, *PolA1* gene, RNA polymerase I

BPT28-07

会場:102A

時間:5月24日 15:30-15:45

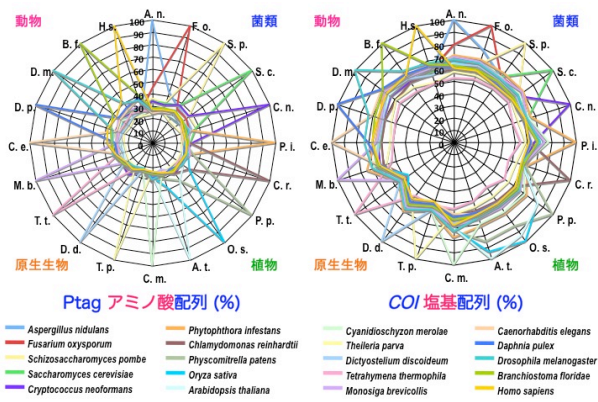


図 真核生物におけるPtagアミノ酸配列およびCOI塩基配列の種間変異 (%)