

アミノアシル tRNA 合成酵素と翻訳伸長因子の分子系統解析：古細菌と真正細菌の系統学的位置の再検討

Molecular phylogenetic analyses of aminoacyl tRNA synthetases and translational elongation factors

横堀 伸一^{1*}, 古川 龍太郎¹, 金武 舞¹, 中川 穂¹, 山岸 明彦¹

Shin-ichi Yokobori^{1*}, Ryutaro Furukawa¹, Mai Kanetake¹, Mizuho Nakagawa¹, Akihiko Yamagishi¹

¹ 東京薬科大・生命科学

¹Sch. Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.

Woese ら (1990, PNAS 87: 4576) は細菌、古細菌、真核生物のそれぞれが単系統群であるとする 3 ドメイン説を発表した。しかし、系統解析の方法や、解析する遺伝子の種類によって、異なる結果も数多く得られている。例えば、Rivera と Lake (1992, Science 257: 74) は翻訳伸長因子 EF-Tu/1 と EF-G/2 の配列の欠失/挿入の比較から、古細菌の一門である Crenarchaeota (Lake らは Eocyte と呼称) が真核生物に近縁であり、真核生物は古細菌の内部系統になることを示唆した。

近年のゲノム配列情報の爆発的な増加により、ゲノム情報に基づく分子系統解析が進められている。例えば、Ciccarelli ら (2006, Science 311: 1283) は、31 の蛋白質遺伝子に基づく無根系統樹を作製し、古細菌は真核生物とは独立したグループであると示唆した。また、古細菌に関しても多くのゲノム配列情報が得られるようになってきた。それに加え、Woese らの提案による Crenarchaeota と Euryarchaeota に加え、Nanoarchaeota、Thaumarchaeota、Korarchaeota、Aigarchaeota の門が提案されてきた。よって、改めて真正細菌、古細菌、真核生物の系統関係を検討することは、重要である。

しかし、ゲノムレベルでの分子系統解析であっても、全生物をカバーできる遺伝子の数は限られ、解析法によって結果も異なる。我々は、全生物の初期の進化を理解するためには、個々の遺伝子の進化を、細胞活動の中での位置づけを考慮しつつ理解し、積み上げていくこと重要であると考えている。

以上を踏まえ、我々は、現在翻訳に関わる蛋白質遺伝子の系統解析を積み重ねて、全生物の初期の進化経路を理解しようとして研究を進めている。我々の進めているアミノアシル tRNA 合成酵素並びに翻訳伸長因子の分子系統解析の進捗状況を紹介し、特に古細菌と真核生物の関係について議論する。

キーワード: 古細菌, 真正細菌, 真核生物, 全生物の最後の共通祖先, アミノアシル tRNA 合成酵素, 翻訳伸長因子

Keywords: Archaea, Bacteria, Eukarya (Eucarya), Last Universal Common Ancestor, Aminoacyl tRNA synthetase, Translational Elongation Factor