

アミノアシル tRNA 合成酵素の系統解析で示すミトコンドリアのモザイク起源

Phylogenetic analysis of aminoacyl tRNA synthetases to demonstrate the mosaic origin of mitochondria

東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻 岩崎研究室
浜口 悠貴

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、真核生物 81 生物種のミトコンドリア ARS の推定とアセンブリの評価を試みた。解析の結果、以下の点が示された。

- ① 繊毛虫で推定されるミトコンドリア ARS のレパートリー数が、同じ SAR スーパーグループに属するクロメラ類や珪藻類などと比較して減少していた。
- ② 繊毛虫のゲノムアセンブリを BUSCO で評価したところ、最大で 51%程、軒並み 20%以下の Completeness であった。ゲノムの Completeness が低いために、繊毛虫で推定できるミトコンドリア ARS のレパートリー数が減少している可能性が考えられる。
- ③ 海綿動物や刺胞動物、昆虫の ARS のレパートリーの中に真核(細胞質、ミトコンドリア)由来でない細菌由来の ARS が推定された。各生物種の共生細菌の ARS 遺伝子が水平伝播したか、共生細菌のゲノムがコンタミしていた可能性も考えられる。

発表論文(謝辞あり) なし

発表論文(謝辞なし) なし