

令和 3 年度 京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステム 利用報告書

真核生物の細胞内共生後のアミノアシル tRNA 合成酵素の進化

Eukaryote aminoacyl-tRNA synthetase evolution after endosymbiont

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、様々な真核生物のミトコンドリアアミノアシル tRNA 合成酵素(mt-ARS)の推定を試みた。対象とした生物群を以下に列挙する。

オピストコンタ: 後生動物などから成る Metazoa、Choanoflagellate、真菌類の担子菌門や子囊菌門、ツボカビ類や接合菌類などから成る Basal Fungi lineage、単細胞ホロゾア *Capsaspora owczarzaki*、アプソゾア *Thecamonas trahens*、スクレアリア類 *Fonticula alba*

アメーボゾア: *Dictyostelium discoideum* などの粘菌や *Acanthamoeba castellanii*

アーケプラスチダ: 緑藻類・紅藻類・灰色藻類

SAR スーパーグループ: 珪藻類、偽菌類、Bigyra、繊毛虫類、アピコンプレクサ類、クロメラ類、褐虫藻、ネコブカビ類 *Plasmodiophora brassicae*、クロララクニオン藻類 *Bigelowiella natans*

ハプト藻類: *Emiliana huxleyi* や *Chrysochromulina parva* などの円石藻類

クリプト藻類: *Guillardia theta*、*Cryptophyceae sp.* CCMP2293

Discoba: *Naegleria gruberi* や *Andalucia godoyi* などの盤状クリステ類

Metamonoda: *Streblomastix strix*、*Monocercomonoides exilis* などのミトコンドリアが退化、もしくは消失した生物種

解析の結果、以下の 3 点が示唆された。

- ①mt-ARS の由来細菌は複数の系統があることが示唆された。
- ②既知の動植物・菌類のモデル生物の mt-ARS とは配列類似性が低い、mt-ARS が数多くの原生生物及び藻類で発見された。
- ③ミトコンドリアが退化、もしくは消失した生物種では mt-ARS が検出されなかった。