

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、様々な原生生物のミトコンドリア ARS の推定を試みた。対象とした生物種を以下に列挙する。

葉緑体を持たない生物種: 真菌類の接合菌門やツボカビ門の生物種、ストラメノパイルの卵菌類やビギラの生物種、アルベオラータの繊毛虫門の生物種、アメーボゾアの生物種、盤状クリステ類の生物種、リザリア *Plasmodiophora brassicae*、アプソゾア *Thecamonas trahens*、スクレアリア類 *Fonticula alba*、単細胞ホロゾア *Capsaspora owczarzaki*

葉緑体を持つ生物種: 緑藻類、紅藻類、珪藻類、褐虫藻類の生物種

解析の結果、以下の 3 点が示唆された。

①既知の動物や真菌類の担子菌門や子囊菌門のミトコンドリア ARS とは配列類似性が低い、ミトコンドリア ARS が数多くの葉緑体を持たない原生生物種で発見された。特に、卵菌類やビギラなどで顕著であった。

②既知の陸上植物のミトコンドリア ARS とは配列類似性が低い、ミトコンドリア ARS が数多くの葉緑体を持つ原生生物種で発見された。特に、紅藻類、珪藻類、褐虫藻類などの二次共生生物種で顕著であった。

③原生生物のミトコンドリア ARS は動物や真菌類・陸上植物よりも様々な細菌に由来していた。

発表論文(謝辞あり) なし

発表論文(謝辞なし) なし