

複数ゲノムの統合による植物ゲノムの成立に関する研究（公募研究） 原始紅藻のゲノム解析による真核生物の成立と進化に関する研究（計画研究分担）

●太田 にじ

埼玉大学理学部分子生物学科

〈研究の目的と進め方〉

真核生物は、原核生物を宿主として、原核生物が細胞内共生をして成立したと考えられる。植物細胞では、細胞核、ミトコンドリア、色素体の3ヶ所にDNAが存在するが、核ゲノムに存在する遺伝子の数は、ミトコンドリアゲノムや色素体ゲノムの数百～数千倍に達する。オルガネラゲノムからは、進化に伴って、コードされている遺伝子が細胞核へ移行していくことが知られている。これまでの研究成果から（Kuroiwa et al. 1992, Ohta et al. 1994）、(1) 細胞内共生後の比較的早い時期に共生体の遺伝子の大部分が核へ移行し、核内で機能するようになった、(2) 宿主となった真核生物の核ゲノムに含まれているものと同じ遺伝子は細胞内から消失し、核ゲノムの遺伝子がそのまま使われ続けている、の2つの可能性が考えられ、現存する真核生物ゲノムは複数ゲノムが統合されて成立したキメラであると考えられる。特に、原核生物と共生体の両方に存在した遺伝子の起源がいずれを起源に持つのかを知ることは、真核生物の核ゲノムの成立と真核生物自身の進化を知る上で非常に重要であるものの、現在核ゲノムで機能しているどの遺伝子が原核生物由来で、どの遺伝子がオルガネラ由来であるかを研究している例はない。本研究では、原始紅藻類に属する、*Cyanidioschyzon merolae* 10D株の色素体ゲノム、ミトコンドリアゲノム及び核ゲノムの塩基配列の解析を行い、他の生物と比較検討することにより、植物ゲノムの成立と進化について考察する。

〈研究開始時の研究計画〉

- (1) 色素体ゲノムの解析及びコードされている遺伝子について、塩基配列解読の最終段階を行う。
- (2) 原始紅藻*C. merolae* 10DのmRNAを単離し、cDNAゲノムライブラリーを作製する。このライブラリーのクローンの塩基配列を解読し、類似性検索を行うことで、コードされている遺伝子を同定する。また、系統解析を行うことにより、得られた遺伝子がシアノバクテリア、真核生物、プロテオバクテリアのいずれかと近縁であるかを調べることを計画していた。この研究は、計画研究「原始紅藻のゲノム解析による真核生物の成立と進化に関する研究」に引き継がれ、ゲノム全解読が行われた。

〈研究期間の成果〉

色素体ゲノムの全塩基配列解析が完了した。このゲノムは約

149, 997 bpの環状DNAで、243個の遺伝子をコードしていた（文献3）。この中には、色素体ゲノムにコードされている例が非常に少ない遺伝子が存在した。DNA結合タンパク質HUの遺伝子hupA（文献1）やcysT、cysWのようなイオウの輸送に関与する遺伝子（文献5）などである。また、系統解析の結果、*C. merolae* は、最も原始的な植物の一種であることが確認された（文献3）。

公募研究時に作製したcDNAライブラリーを用いて約

1600リード、平均長750 bpの塩基配列を解読した。これは、計画研究に引き継がれ、全塩基配列解読のためのデータベース作成に利用された。なお、*C. merolae* の全ゲノム解読は完了している（文献4）。

〈国内外での成果の位置づけ〉

色素体ゲノムの解析及び本研究に引き続く計画研究「原始紅藻のゲノム解析による真核生物の成立と進化に関する研究」では、最も原始的な植物の全ゲノムの解読が完了した。この成果はNature誌上に発表され（文献4）、植物ではシロイヌナズナに続き2種目の全ゲノム解析として注目を浴び、現在さまざまなゲノム研究データベースとして利用されている。

〈達成できなかったこと、予想外の困難、その理由〉

本課題について十分な成果を得たと考えられる。

〈今後の課題〉

ゲノム解析の完了した*C. merolae* にコードされていた遺伝子のうち、興味深いものをピックアップして遺伝解析を行う。例えば、核ゲノムと色素体ゲノムの両方にコードされていた同じ遺伝子の系統解析及び機能解析を行う。

また、近縁種である*Cyanidium caldarium* のゲノム解析を行い、遺伝子を比較することで、進化の過程で獲得あるいは消失した遺伝子について知る。

〈研究期間の全成果公表リスト〉

1. Kobayashi, T., Takahara, M., Miyagishima, S., Kuroiwa, H., Sasaki, N., Ohta, N., Matsuzaki, M., Kuroiwa, T. (2002) Detection and localization of a chloroplast-encoded HU-like protein that organizes chloroplast nucleoids. *The Plant Cell*, 14: 1579-1589.
2. Ohta, N., Matsuzaki, M., Misumi, O., Miyagishima, S., Nozaki, H., Tanaka, K., Shin-i, T., Kohara, Y., Kuroiwa, T. (2003) Complete sequence and analysis of the plastid genome of the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*; *DNA Res.* 10: 67-77.
3. Nozaki, H., Ohta, N., Matsuzaki, M., Misumi, O., Kuroiwa, K. (2003) Phylogeny of plastids based on cladistic analysis of gene loss inferred from complete plastid genome sequences. *J. Mol. Evol.* 57: 377-382.
4. Matsuzaki, M., Misumi, M., Shin-I, T., Maruyama, S., Takahara, M., Miyagishima, S., Mori, T., Nishida, K., Yagisawa, F., Nishida, K., Yoshida, Y., Nishimura, Y., Nakano, S., Kobayashi, T., Momoyama, Y., Higashiyama, T., Minoda, A., Sano, M., Nomoto, H., Oishi, K., Hayashi, H., Ohta, F., Nishizaka, S., Haga, S., Miura, S., Morishita, T., Kabeya, Y., Terasawa, K., Suzuki, Y., Ishii, Y., Asakawa, S., Takano, H., Ohta, N., Kuroiwa, H., Tanaka, K., Shimizu, N., Sugano, S., Sato, N., Nozaki, H., Ogasawara, N., Kohara, Y., and Kuroiwa,

- T. (2004) Genome sequence of the ultrasmall unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae* 10D. *Nature* 428: 653-657.
5. Ohta, N. and Kuroiwa, T. (2004) Complete nucleotide sequence analysis of the mitochondrial and the chloroplast genomes of *Cyanidioschyzon merolae*: Their gene contents and gene transfer analyses. *Endocytobiosis and Cell Res.* 15: 278-285.