

phylogenomics データによる真核生物大系統解析

Phylogenomic study for understanding the global eukaryotic phylogeny

稲垣祐司

筑波大学計算科学研究センター

1. 研究目的

これまで我々は各種自然環境より新奇単細胞真核生物（真核微生物）を単離し、実験室内で継代可能な培養株を確立し、トランスクリプトームデータに基づく大規模系統解析を行うことでその系統的位置を探求してきた。H30年度のREALPHYLプロジェクトでは、ゲノム・トランスクリプトームデータの取得とそれに引き続く大規模系統解析が遅れている有孔虫類を研究対象とし、有孔虫の内部系統関係を頑健に解明することを目標とした。

2. 研究成果の内容

有孔虫門は5つの目、Rotaliida、Textulariida、Miliolida、Spirillinida、Allogromiida から構成されている。この目間の系統関係を大規模分子系統解析により高精度で再構築することを目指した。本研究のためにRotaliidaからは*Ammonia beccarii*、Miliolidaからは*Quinqueloqulina* sp.、Spirillinidaからは*Spirillina* sp.、Textulariidaに関しては今後*Textularina conica*からトランスクリプトームデータを取得した。またAllogromiidaに属する*Reticulomyxa filose*については、他のグループがドラフトゲノムデータを公開しているのをこれを使用した。上記有孔虫5種をふくむ157遺伝子アライメントを最尤法とベイズ法により解析した。復元された有孔虫5種間の系統関係は、すべての分岐について最尤法ブートストラップ確率100%およびベイズ法事後確率1.0で支持された。従って、この系統解析結果は極めて頑健であると考えられる。

3. 学際共同利用として実施した意義

これまでの系統解析では有孔虫類の内部系統を解明できなかったが、本研究の大規模分子系統解析により有孔虫類5つの目間の系統関係を高精度で解明することに成功した。

4. 今後の展望

古生物学、古気候学、古海洋学に重用される有孔虫類の有用性を鑑みると、我々が行った大規模配列データ解析による頑健な有孔虫5目間の系統関係を基盤に分岐年代推定を行うことが可能である。その年代推定結果は、進化生物学だけでなく地球進化的にも貴重な知見を提供することが出来る。

5. 成果発表

(1) 学術論文

なし

(2) 学会発表

- i. 石谷佳之, 矢崎裕規, 氏家由利香, 稲垣祐司. 有孔虫の大規模分岐年代推定. (口頭発表) 高知大学海洋コア総合研究センター共同利用成果報告会, 2019/3/7-8, 高知大学海洋コア総合研究センター・南国市 (高知県)
- ii. 稲垣祐司. ゲノム・トランスクリプトームデータを用いて推測される真核生物の初期分岐. (口頭発表・招待) 第1回ゲノム・分子進化・構造の会, 2019/2/8, 筑波大学サテライトオフィス・つくば市 (茨城県)
- iii. Yoshiyuki Ishitani, Yurika Ujiie, Euki Yazaki, Takashi Toyofuku, Yukiko Nagai, Yuji Inagaki. Phylogenomic approach to the early evolution of Foraminifera. (口頭発表) FORAMS2018, 2018/6/17-22, エジンバラ・UK
- iv. Yuji Inagaki. Novel eukaryotes for elucidating the early eukaryotic evolution. (プレナリー講演) ISEP XXII, 2018/5/27-6/1, パフォス・キプロス共和国

(3) その他

なし

使用計算機	使用計算機 に○	配分リソース*	
		当初配分	追加配分
COMA	○	8,000	
Oakforest-PACS			
※配分リソースについてはノード時間積をご記入ください。			