

Notice on Plankton Seminar #22014

9:00–1200, 20 Sep. (Tue) at Room W103 (2nd Research Building)

Zhao, X., M. Miao, X. Chen, H. Ma and K. A. S. Al-Rasheid (2014)

A phylogenetic reconsideration of suctorian ciliates (Protista, Ciliophora, Phyllopharyngea)

based on small subunit rRNA gene sequences

Zool. Scr. **43**: 206–216

小サブユニット rRNA 遺伝子配列に基づく

吸管虫織毛虫 (原生生物界、織毛虫門、層状咽頭綱) の系統学的再考

織毛虫は約一万種を含み、真核微生物の中で細胞構造の多様性が最も大きい門であるが、形態比較と分子生物学的解析が包括的に研究されている分類群は限られている。織毛虫の中でも吸管虫亜綱は、従来の研究の大半が形態分類に関するもので、分子生物学的な知見が乏しい。そのため本分類群の系統類縁関係には不明な点が多い。本研究は、吸管虫 3 種の SSUrRNA 遺伝子配列を決定し、その後、GenBank から現在入手可能なデータに基づいて系統類縁関係を解析し、織毛虫門の中の吸管虫の体系的な位置と進化経路を明らかにすることを目的として行った。

吸管虫 3 種は、基質としてスライドガラスを使用し、約 1 m の水深にコロニー形成をさせるために 1–2 週間沈めて採集した。*Acineta compressa* は香港の清水湾 (22°18'N; 114°17'E)、*A. tuberosa* と *Paracineta limbata* は青島の膠州湾近海のホタテガイ養殖水 (36°06'N; 120°19'E) から採集した。試料は実体顕微鏡下で細胞を単離し、生鮮個体の観察とプロタゴール染色に基づいて種同定を行った。その後、5–10 細胞を用いて DNA 抽出を行い、SSUrRNA 遺伝子を増幅、ABI3700 シーケンサーにより塩基配列を決定した。系統類縁解析には、外群に異毛綱の 1 種を選択し、本研究の吸管虫 3 種および GenBank の 37 個の吸管虫の遺伝子配列を使用して、ベイズ法 (BI)、最尤法 (ML)、近隣結合法 (NJ)、最大節約 (MP) の 4 手法に基づく系統樹を構築した。また、吸管虫亜綱の単系統性を調査する為に、標的集団を単系統群に制約した ML 分析を行った後、近似バイアステスト (AU) を実行し、制約トポロジーと非制約トポロジーを比較、5% 有意水準に基づいて評価した。更に、各出芽様式 (外生芽類、内生芽類および外転芽類) の代表的な種について、塩基配列に従い可変領域 (V2) の推定二次構造を予測し、比較した。

本研究により吸管虫 3 種 (*A. compressa*, *A. tuberosa* および *P. limbata*) の新しい遺伝子配列が GenBank に追加された。また、吸管虫亜綱もしくは層状咽頭綱内で遺伝子配列にいくつかの相同性が見つかった。系統樹は MP 法以外ではほぼ同じ樹形を示し、推定された V2 領域の二次構造も複数の特徴を共有していた。これらの結果は従来の形態学に基づく系統類縁関係を支持している。吸管虫亜綱は ML 法を除く各手法で一致する系統樹と AU テストの結果により、単系統性が支持された。また系統樹は、外生芽類が最も早くに分岐し、内生芽類が最も後に派生した集団であることを示しており、特に内生芽類である *Tokophrya* 属が最も派生した集団であった。これらの分子生物学的解析の結果と従来の形態学の観点から、本研究は吸管虫亜綱内で次の進化経路：外生芽類–外転芽類–内生芽類、があったことを示唆している。

小嶋大己

次回のゼミ (9月26日 (月) 9:00~, W103) は、成果報告です。