

配付先: 文部科学記者会、科学記者会、農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、筑波研究学園都市記者会、東北電力記者クラブ、宮城県政記者会、福井県政記者クラブ、福井教育記者クラブ、愛媛番町記者クラブ、神奈川県政記者クラブ、横須賀市政記者クラブ、青森県政記者会、むつ市政記者会、高知県政記者クラブ、沖縄県政記者クラブ、名護市駐在3社

報道解禁 3月15日(土)0時(日本時間)  
記者説明会 3月14日(金)11~12時(同上)  
※オンラインにて開催いたします。参加希望者は  
[press@jamstec.go.jp](mailto:press@jamstec.go.jp)までご連絡ください。



国立研究開発法人

海洋研究開発機構



東北大学

TOHOKU UNIVERSITY



農研機構



愛媛大学  
EHIME UNIVERSITY



福井県立大学

Fukui Prefectural University

2025年3月13日

国立研究開発法人海洋研究開発機構

国立大学法人東北大学

東北大学・海洋研究開発機構 変動海洋エコシステム高等研究所

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構

国立大学法人愛媛大学

公立大学法人福井県立大学

### 運命に抗い生きる原生生物：

アセトスポラは DNA 上の負の突然変異を RNA 編集の活用によって克服していた

#### 1. 発表のポイント

- ◆ 難培養性原生生物・アセトスポラの培養とミトコンドリアゲノムの解読に成功。
- ◆ 解読したミトコンドリアゲノムと発現遺伝子情報 (mRNA 配列情報) の比較から、大規模な RNA 配列の書き換え現象 (RNA 編集) を発見。
- ◆ RNA 編集前後の比較から、アセトスポラの RNA 編集は DNA 配列上で起こった突然変異を mRNA 配列上で修正し、機能的なアミノ酸配列を維持する機能を担うことを発見。
- ◆ RNA 編集に関わる酵素として、陸上植物に由来する PPR-DYW タンパク質とこれまで後生動物のみが持つとされていた Adenosine Deaminase acting on RNA 様タンパク質 (ADAR-like)を検出し、両者がアセトスポラのミトコンドリア局在である可能性を確認。
- ◆ アセトスポラの PPR-DYW タンパク質は遺伝子の水平伝播によって獲得され、ADAR-like はこれまでの理解と異なり真核生物の祖先の段階で存在し、現在まで引き継がれていたことを把握。遺伝子工学の分野においても重要な当該遺伝子の進化と機能に関する理解を更新。

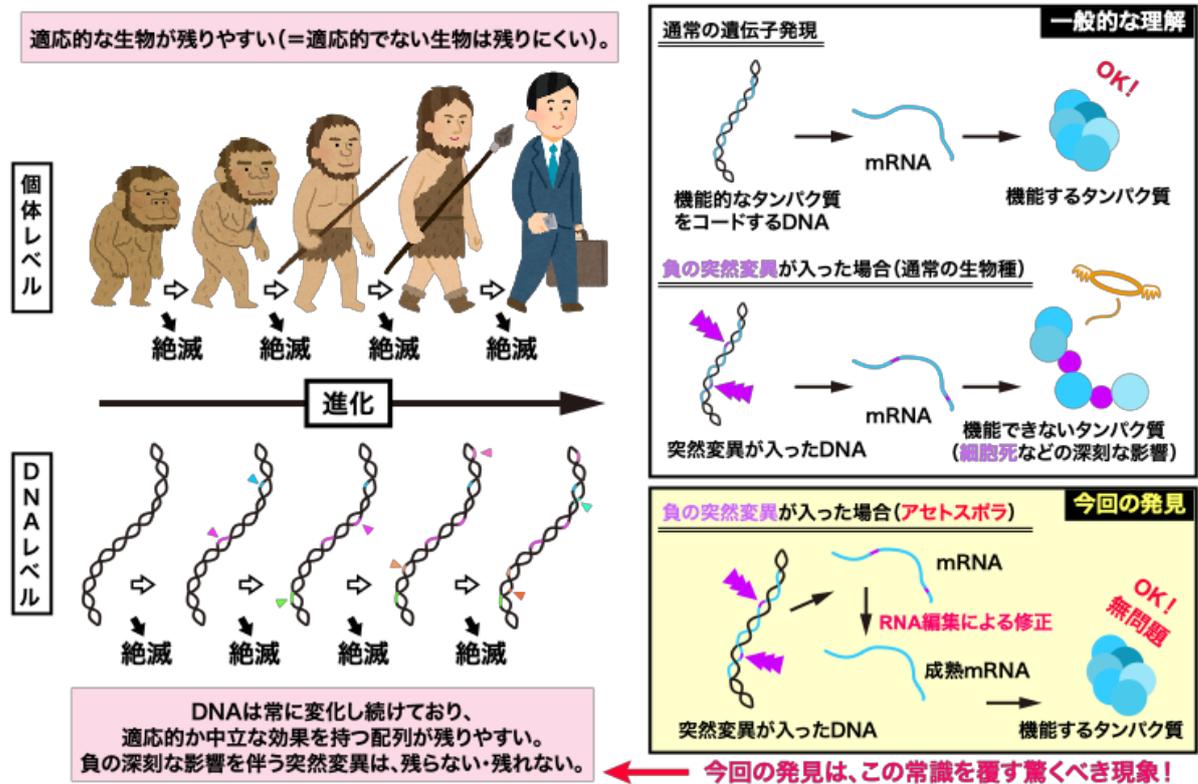


図1. 本発見の概略

## 2. 概要

国立研究開発法人 海洋研究開発機構 (理事長 大和 裕幸、以下「JAMSTEC」という。) 地球環境部門 海洋生物環境影響研究センター 深海生物多様性研究グループの矢吹 彬憲 主任研究員は、東北大学大学院農学研究科 藤井 千早 大学院生 (当時)、農業・食品産業技術総合研究機構 矢崎 裕規 研究員、愛媛大学 大林 由美子 講師、福井県立大学 高尾 祥丈 准教授らと共同で、難培養性原生生物・アセトスポラの培養株化に成功しました。培養株を用いた分子生物学的な研究から、アセトスポラはミトコンドリアDNA上に生じた突然変異をRNAとして転写した後に修正し遺伝子としての機能を維持していることを発見し報告しました。本発見は、RNA編集現象の機能的な多様性に関する理解の深化につながるだけでなく、生物の分子進化に関する従来理解に一石を投じる驚くべきものです。

真核生物は細胞内に核やミトコンドリアなどの構造を有する生物で、およそ21億年前に誕生し、多様な系統へと枝分かれ進化してきました。そこには動物や陸上植物など多細胞生物とともに多様な原生生物(陸上植物・後生動物・真菌を除いた真核生物の総称)が、含まれます。多くの原生生物は、体細胞サイズが小さく肉眼では認識しづらいことに加え、難培養性の生物も多く、その多様性の全貌や生態学的役割に関する理解は未だ限定的です。また原生生物が進化の中で獲得した様々な形態的・分子生物学的な特徴に関しても未だ多くの謎が残されています。本研究における対象生物であるアセトスポラは主に海産無脊椎動物に感染する寄生性原生生物のグループであり、一部の種は水産資源生物に感染することから防除対象とし

でも注目されている生物群です。しかしながら、これまで培養株として確立されたアセトスポラは報告されておらず、その分子生物学的な知見は限定的な状況にあり、その研究進展が期待されていました。

本研究では、東京湾および駿河湾よりアセトスポラの新規生物を発見し培養株として確立することにまず成功しました。そこからミトコンドリアゲノムの解読と発現遺伝子解析を行い、アセトスポラのミトコンドリアにおいて RNA 編集と呼ばれる塩基配列の書き換え現象が起こっていることを見出しました。RNA 編集が起こっている場所と前後の変化を精査した結果、アセトスポラの RNA 編集はミトコンドリアゲノム上で起こってしまった突然変異を mRNA として転写された後に元々あった配列あるいはそれに近い配列へと修復し、最終的に生合成されるタンパク質の機能を維持していることが分かりました。さらに、この RNA 編集を引き起こすメカニズムについても解析を進め、これまで後生動物型と陸上植物型として知られていた編集メカニズムを活用している可能性が高いことも見出しました。今回発見されたアセトスポラの RNA 編集現象は、真核生物における RNA 編集の進化は従来の想定よりも遥かに複雑であり、その機能と役割も多様であることを示しています。またこの「運命に抗い生きるためのしたたかな生存戦略」とも言える現象は、従来の生物進化の常識に反する驚くべきものと言えます。本研究で示された RNA 編集現象とこの現象を駆動するメカニズムに関する研究が今後さらに進むことで、ゲノムと遺伝子の進化に関する理解が深まるだけでなく、ミトコンドリアにおける遺伝子編集技術の活用にも通じる可能性があります。またアセトスポラの培養方法が確立されたことから、寄生生物としてのアセトスポラの生態学的な役割に関する研究も進展し、海洋生態系のより正確な理解が進むと期待されます。

本研究は JSPS 科研費 20K06792・19H03033・23K23687（基金化以前 22H02422）の助成を受けて実施されました。本成果は、「Microbes and Environments」に 3 月 15 日付け（日本時間）で掲載される予定です。

タイトル：Massive RNA editing in ascetosporan mitochondria

著者：矢吹 彬憲<sup>1,2,3</sup>、藤井 千早<sup>1,2</sup>、矢崎 裕規<sup>4</sup>、多米 晃裕<sup>5</sup>、水野 恵子<sup>1</sup>、大林 由美子<sup>6</sup>、高尾 祥丈<sup>7</sup>

1. 国立研究開発法人 海洋研究開発機構 地球環境部門
2. 国立大学法人 東北大学 大学院 農学研究科
3. 東北大学・海洋研究開発機構 変動海洋エコシステム高等研究所（WPI-AIMEC）
4. 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構
5. 株式会社マリン・ワーク・ジャパン
6. 国立大学法人 愛媛大学 先端研究院 沿岸環境科学研究センター
7. 公立大学法人 福井県立大学 海洋生物資源学部

### 3. 背景

真核生物は細胞内に核やミトコンドリアなどの構造を有する生物で、およそ 21 億年前に誕生し、多様な系統へと枝分かれ進化してきました。動物や陸上植物など多細胞生物へ至る進化があった一方で、近年の分子系統学的な研究の進展に伴い、原生生物（＝陸上植物・後生動物・真菌を除く真核生物）こそが、真核生物の系統的多様性を支える存在であることが明らかになっています（図 2）。原生生物はその進化の中で、系統ごとにユニークな特徴や細胞機能を確立させており、その理解は真核生物の多様化プロセスを解明するために欠かせません。その一方で、それら原生生物の多くは体細胞サイズが小さく肉眼では認識しづらく、また難培養性であるため、その多様性や生態学的役割、分子生物学的な特徴などに関しては未だ多くの謎が残されています。本研究で対象としたアセトスポラ（図 3）も理解が不十分な原生生物の 1 グループでした。アセトスポラは、エビやカニ、二枚貝などの海産無脊椎動物を主な宿主とする寄生性の原生生物の一群であり、これまでに約 50 種が記載されています。一部の種は水産資源生物に感染し影響を与えることから、防除対象としても認識されています。しかしながら、研究を継続的に進める上で重要となる培養株がこれまで存在していなかったこともあり、アセトスポラに関する生物学的な知見は他の生物群と比較しても大きく不足しており、その研究進展が期待されていました。

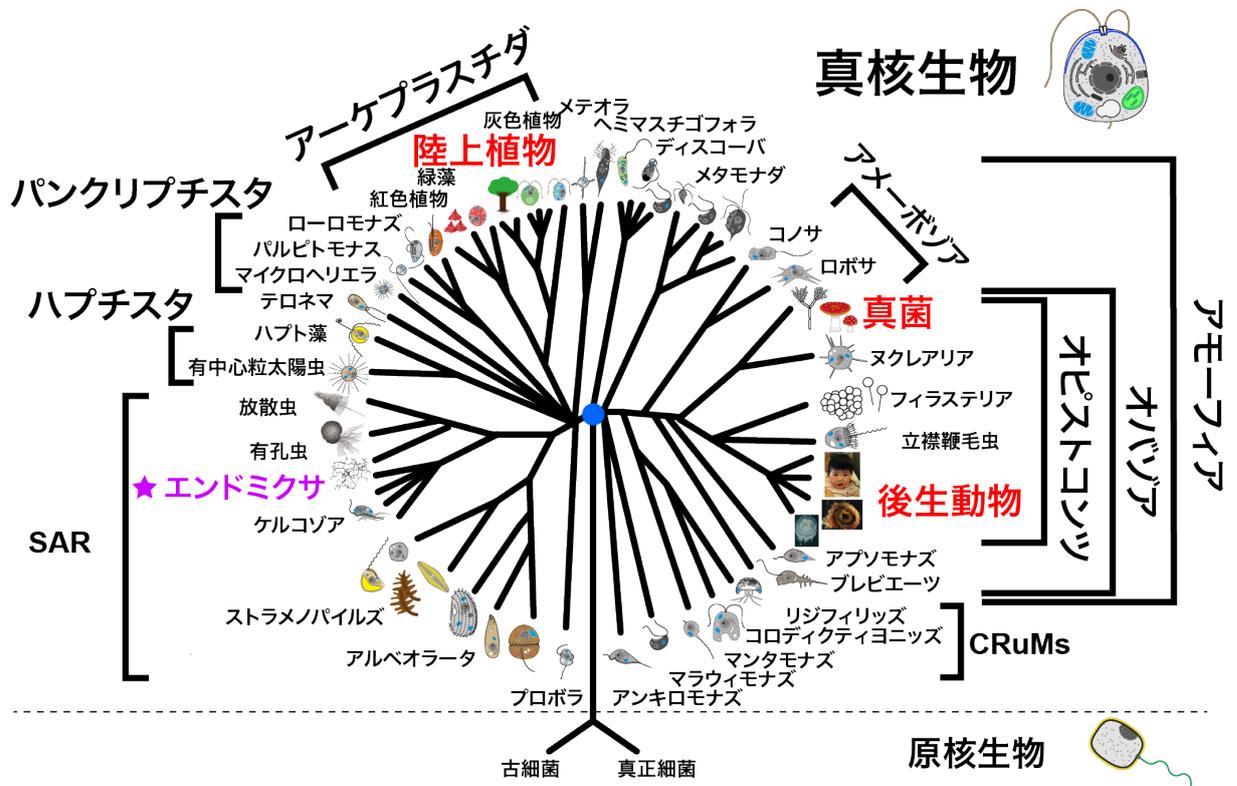


図 2. 真核生物全体の系統分岐関係の概略図

中心の青点が約 21 億年前に誕生した真核生物の共通祖先生物であり、そこから放射状に進化の枝分かれを繰り返して、現在見られる多様な真核生物が誕生しました。我々ヒトなどを含む多細胞動物は、後生動物と呼ばれる系統に属し、数多くある真核生物系統の中の一つに過ぎません。また後生動物と同様に、ホイタッカーの五界説では大きな括りで扱われていた真菌や陸上植物も現在では、それぞれ数多くある独立した系統の一つであることがわかっています。後生動物・陸上植物・真菌を除いた真核生物をまとめて原生生物と呼び、本研究で対象としたアセトスポラはエンドミクサ（左側紫星印で表示）に属する原生生物の一群です。

**エンドミクサ(亜門):**従属栄養性の原生生物からなる生物群。多くは単細胞性。

**アセトスポラ(綱):**寄生性の原生生物からなる生物群

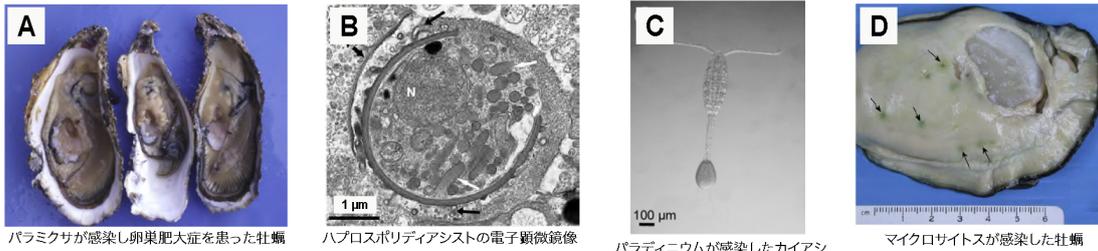
パラミクサ(目):海産無脊椎動物の寄生生物。養殖牡蠣の大量死を引き起こすこともある。

ハプロスポリディア(目):軟体動物を主要な宿主とする寄生生物。養殖牡蠣の大量死を引き起こすこともある。

パラディニウム(目):カイアシ(動物プランクトン)に感染し、その性比を変化させている可能性のある寄生生物。

マイクロサイトス(目):牡蠣の仲間を宿主とする寄生生物。養殖牡蠣の大量死を引き起こすこともある。

クラウストロスポリディウム(目):ヨコエビへの感染が報告されている寄生生物。



寄生様式や宿主、細胞の構造などによって区別されている。現在までに約50種が記載されている。主な宿主は、海産無脊椎動物。牡蠣類やボタンエビに感染し、被害を与える種も含まれ、防除対象としても認識されている。未記載種も多く存在するとされ、その多様性に関する理解は未だ限定的。培養株はこれまで存在せず、生活環が完全に理解されている種もない。中間宿主が存在する可能性も示唆されている。

他の生物群と比較して、生物学的な知見が圧倒的に不足している。

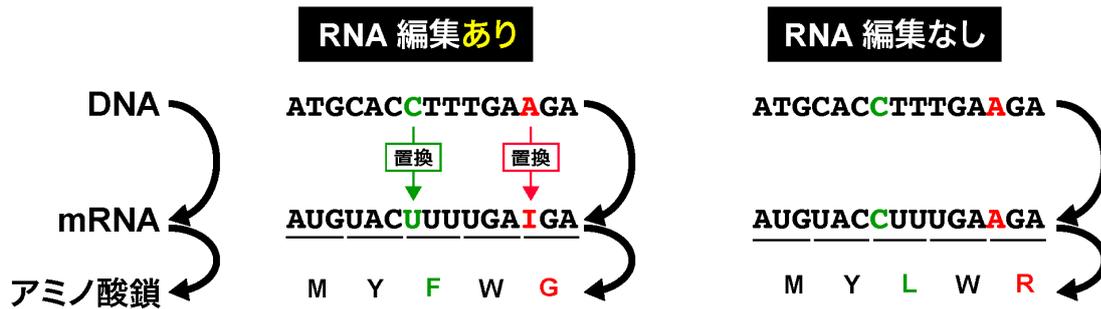
生物学・生態学・水産学などの分野において特に重要な研究対象であり、その研究進展が期待。

図 3. アセトスポラの概説

本研究で対象にしたアセトスポラは綱レベルの生物群で、下位分類群として 5 つの目を含みます。

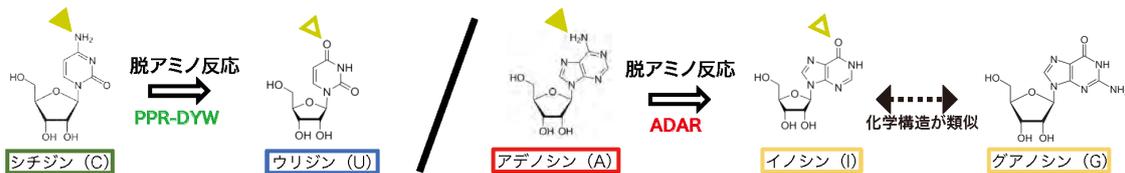
- A. パラミクサ目の 1 種が感染し卵巣肥大症を患ったマガキ。「水産食品の寄生虫検索データベース (<https://fishparasite.fs.a.u-tokyo.ac.jp/index.html>)」より転載。
- B. ヨコエビに感染したハプロスポリディア目 1 種のシスト細胞 (透過型電子顕微鏡写真)。Catanese et al. (2018, <https://doi.org/10.1016/j.jip.2018.07.006>)より転載。
- C. パラディニウム目の 1 種が感染したカイアシ。感染が進行し、カイアシの後体部にシスト細胞塊が形成されています。Skovgaard & Daugbjerg (2008, <https://doi.org/10.1016/j.protis.2008.02.003>)より転載。
- D. マイクロサイトス目の 1 種が感染したマガキ。感染部位が緑色に変色しています。Bower & Meyer (2004, 5.2.5 Mikrocytosis (Denman Island Disease of Oysters))より転載。

RNA 編集は、DNA から転写によって生じた RNA がその後、塩基の書き換えや挿入を受ける現象です (図 4)。これまでに様々な生物から RNA 編集が報告されており、細胞内で重要な機能を担っていることが報告されています。例えば、我々ヒトを含む後生動物の核や細胞質では、mRNA 上の一部のアデノシン (A) が脱アミノ反応を受けることでイノシン (I) と呼ばれるヌクレオシドに変化することが知られています。I はグアノシン (G) と化学的構造が類似しているため、mRNA 配列にもとづきタンパク質合成を担うリボソーム (※1) は I を G として認識し翻訳が進みます。そのため、A→I の書き換え型 RNA 編集 (置換、と呼ばれる) が起こることで、最終的に合成されるタンパク質の構造および機能の変化が引き起こされます。これによって、時期や組織ごとに一つの遺伝子から合成されるタンパク質の性質を変化させ、機能の多様化が生じることがわかっています。この後生動物における A→I の置換は、Adenosine deaminase acting on RNA (ADAR) と呼ばれる酵素の働きによって起こります。ADAR は、例外的に植物プランクトンである渦鞭毛藻の数種からも報告されているものの、それを除くと後生動物以外からの報告はないことから、後生動物の祖先で誕生した遺伝子だと考えられてきました。また、陸上植物の葉緑体とミトコンドリアでは、mRNA 上のシチジン (C) をウリジン (U) に置換する現象が起こることも知られています。これは、PPR-DYW タンパク質と呼ばれる酵素によって反応が進むこともわかっています。この反応は、植物の陸上化に伴い獲得された形質であり、紫外線から DNA を保護するための役割を担っていると解釈されています (図 5)。RNA 編集現象の中には、未だ適応的な説明ができない (あるいは、議論が分かれている) ものも存在しており、その機能や進化成立プロセスに関しては未だ研究の余地が多く残されています。



指定されるアミノ酸が変化し、最終的に合成されるタンパク質の機能・構造が変化。

置換反応の例:



陸上植物のミトコンドリア・葉緑体で見られる置換現象。  
PPR-DWY タンパク質が編集サイトを得意的に認識し、脱アミノ反応が起こる。

後生動物の核・細胞質で見られる置換現象。  
編集サイトを認識するガイド RNA と ADAR が共役し、脱アミノ反応が起こる。  
イノシンはリボソームによってグアノシンとして認識され翻訳が進む。

図 4. RNA 編集現象の概説

DNA からの転写によって生じた RNA が塩基の書き換え（置換）等を受ける現象。タンパク質をコードする mRNA 上で起こる場合は、指定するアミノ酸の変化を伴うこともあります。植物のミトコンドリア・葉緑体で起こる C→U 置換や後生動物の核・細胞質で起こる A→I 置換などの現象が知られ、それぞれの機能や反応を駆動する酵素に関する研究が進んでいます。

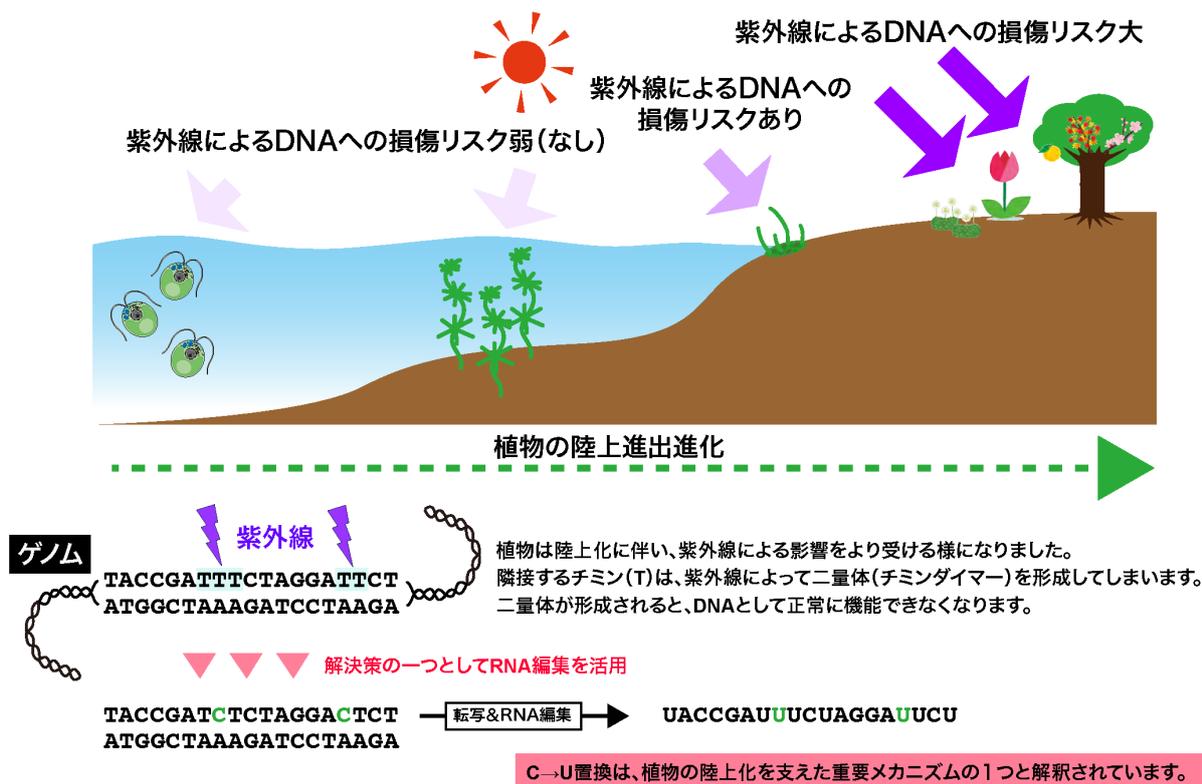


図5. 植物の葉緑体・ミトコンドリアにおけるC→U置換型RNA編集

植物の陸上化に伴い紫外線の脅威は増大しました。C→U置換型RNA編集は、その対応策として重要な機能を担っていると解釈されています。

【用語解説】

※1 リボソーム：RNA とタンパク質からなる複合体。細胞質に存在し、mRNA の配列情報にもとづきアミノ酸鎖を合成する役割を担います。

#### 4. 成果

東京湾表層および駿河湾水深 200 m 由来の水試料よりアセトスポラに属す新規生物を発見し、2 培養株を確立することに成功しました (図 6)。培養株化は、2018 年に我々が開発し公表した寄生性原生生物の培養株化に実績のある Hemi 培地を用いることで成功しました。確立した培養株を用いてゲノム解析を進めたところ、2 株それぞれから約 20 kbp のミトコンドリアゲノムと考えられる DNA 配列を解読することに成功しました。しかしながら、ゲノム上に存在する遺伝子を推定したところ、配列上に多数の終始コドンが確認され、機能を失い偽遺伝子化している可能性、あるいは RNA 編集を受けることで初めて機能を発揮する遺伝子である可能性が示唆されました。この 2 つの可能性を検証するために、発現遺伝子解析を実施し RNA 配列情報を収集し比較したところ、ミトコンドリア遺伝子のほぼ全てにおいて A→I, C→U の置換が起きていることが確認されました。RNA 編集は、mRNA 上だけでなく、tRNA や rRNA 上でも起きていました。RNA 編集の頻度は 2 株においてほぼ同じであり、ミトコンドリアゲノム配列全体の約 2% が遺伝子発現の過程で置換されていました。また RNA 編集が起きている場所も 2 株においてその多くが共通していたことから、これら 2 株の共通祖先の段階で RNA 編集機構が存在していたことも分かりました。さらに、RNA 編集による影響を精査したところ、タンパク質コード遺伝子の mRNA 上で起こる RNA 編集は全て、指定するアミノ酸の変化を引き起こす非同義置換 (図 7) と呼ばれるものでした (終始コドンからの回復を含む)。また、真核生物全体にわたって特定のアミノ酸が保存されているようなサイトでも RNA 編集は起こっており、その場合は保存的なアミノ酸への修復が促されていることも分かりました。これらの発見は、アセトスポラのミトコンドリアにおける RNA 編集は修正すべき箇所をしっかりと修正し機能的な RNA 配列を維持する機能を担っていること示唆しています。一部の RNA 編集 (渦鞭毛藻の葉緑体ゲノムにおける RNA 編集など) が配列修復に貢献している可能性は、これまでも議論されてきました。しかしながら、今回見つかったような編集箇所全てが非同義置換であり、祖先的なアミノ酸への明確な復元が数多く確認される例はこれまでに報告がありませんでした。DNA の突然変異は一定の確率で起こり続けており、生物にとって負の影響を与える突然変異もランダムに起こります。そのような変異は、その生物の生存にとって不利であることから、その生物集団の中に定着せず取り除かれていく運命にあります。しかしながらアセトスポラにおいてはそのような変異も、最終的に修復することが可能であるがゆえに、負の突然変異としてカウントされずに集団内に定着していると考えられます。本来は細胞死につながるような突然変異であっても RNA の段階で修復して生きるメカニズムは、運命に抗い生きる原生生物のしたたかな生存戦略であり、これまでの生物進化の常識に反する驚くべき現象です。

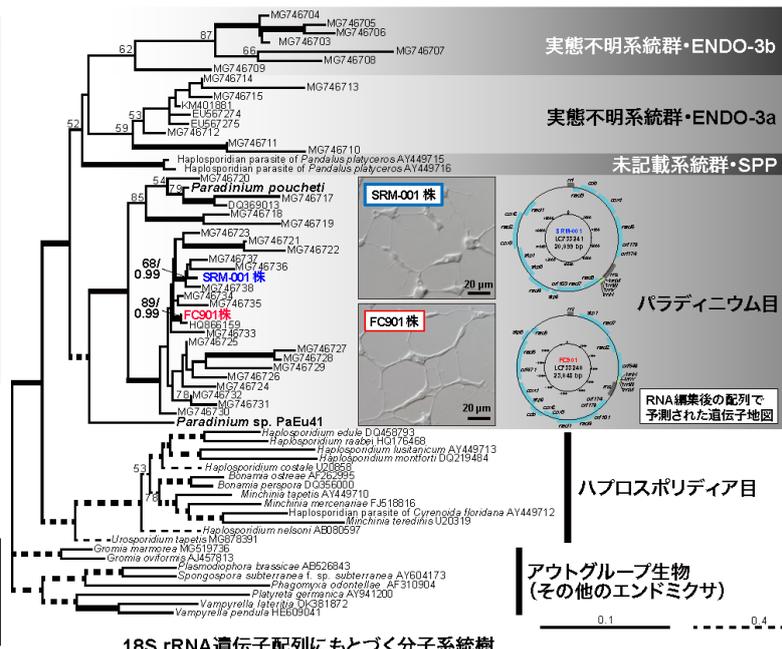


- 東京湾・駿河湾サンプルよりネットワークを形成する原生生物の培養株を確立。
- 2株は形態的に酷似。系統的には区別可能。
- Paradinium*属に所属?要検証。



感染が進むことで生じる細胞塊。  
(通常は、体腔・消化管内に寄生し増殖。)

カイアシに寄生する *P. poucheti*  
(Skovgaard & Daugbjerg 2008より抜粋)



18S rDNA遺伝子配列にもとづく分子系統樹

- 最尤法により構築。
- 数字は「ブートストラップ値(ベイズ法による事後確立)」(主要ノードのみ表示)
- 太線は、最大値(100%/1.00)で支持された枝。

アセトスポラ綱

アウトグループ生物  
(その他のエンドミクサ)

ハプロスポリ:

2018年に公表した新しい培養方法の適用により、難培養性原生生物・アセトスポラを培養株として確立することに成功

図 6. 本研究で扱ったアセトスポラ 2 株

東京湾表層、駿河湾水深 200 m よりアセトスポラの培養株を確立することに成功しました。培養株は、2018 年に我々が新しく開発し公表した培養方法を導入することで確立できました。

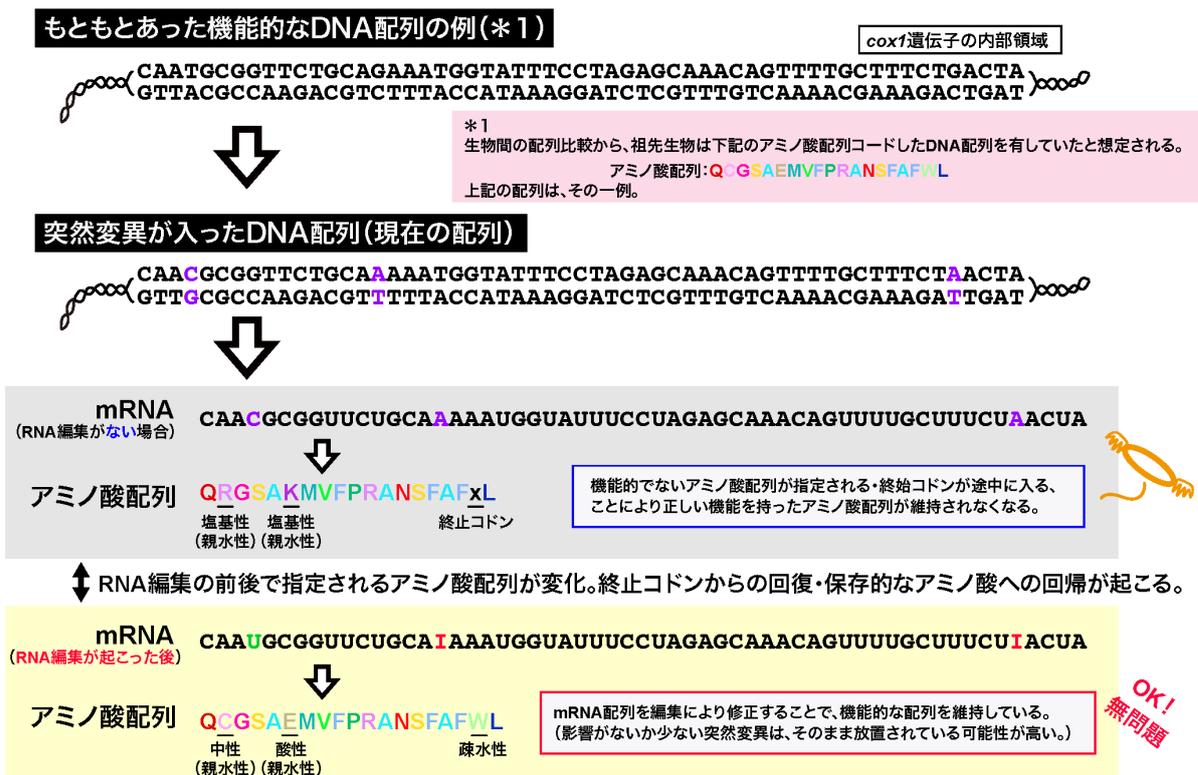


図 7. 本研究で明らかにしたアセトスポラにおける RNA 編集現象

DNA 上で突然変異 (DNA 配列の変化) が起こると、起こった場所によっては、指定されるアミノ酸配列の変化が起こります。負の影響を伴う変化であった場合、その個体は生育不良あるいは死亡などの影響を受けます。アセトスポラは、RNA 上で配列を補正することにより、その影響を無くすか軽減できる能力があります。

次に、この RNA 編集現象を駆動する酵素の探索を進めたところ、2 株それぞれから C→U 置換に関わる PPR-DYW タンパク質遺伝子配列および A→I 置換に関わる ADAR に高い相同性を示すタンパク質 (ADAR-like) の遺伝子配列を検出しました。PPR-DYW タンパク質は、配列情報にもとづきコンピュータ上で細胞内での局在場所を予測したところ、ミトコンドリア局在であることが推定され、実際にアセトスポラにおいても C→U 置換に関与している可能性が強く示唆されました (図 8)。その一方で、ADAR-like については、コンピュータ上の解析ではミトコンドリア局在は支持されませんでした。そこで、研究が進んでいるヒト ADAR を認識する抗体を用いて間接蛍光染色 (※2) を行なったところ、抗ヒト ADAR 抗体はアセトスポラのミトコンドリアに局在するタンパク質を特異的に認識することが確認されました。このことは、アセトスポラの ADAR-like がミトコンドリアに局在している可能性を示唆しています。これらの結果から、アセトスポラのミトコンドリアではこれまで植物型 C→U 置換と後生動物型 A→I 置換とされていたメカニズムに関連した新しいシステムが駆動している可能性があります (図 7)。このような組み合わせの RNA 編集はこれまでに報告がなく、真核生物の細胞機能に関する新たな発見と言えます。

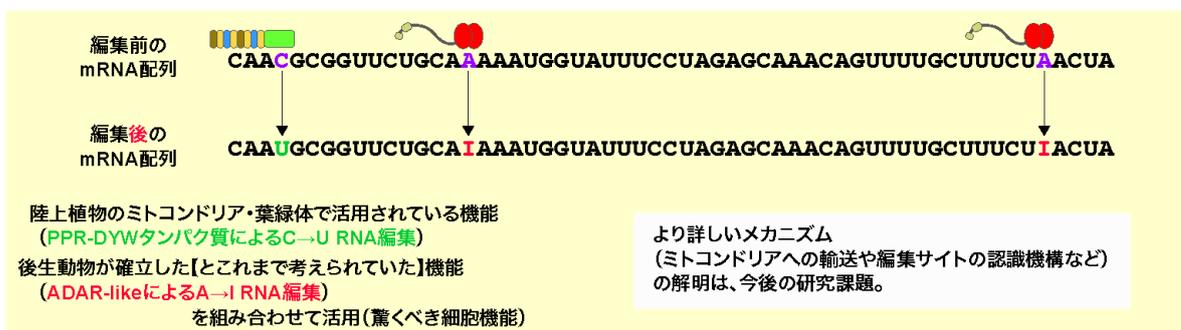
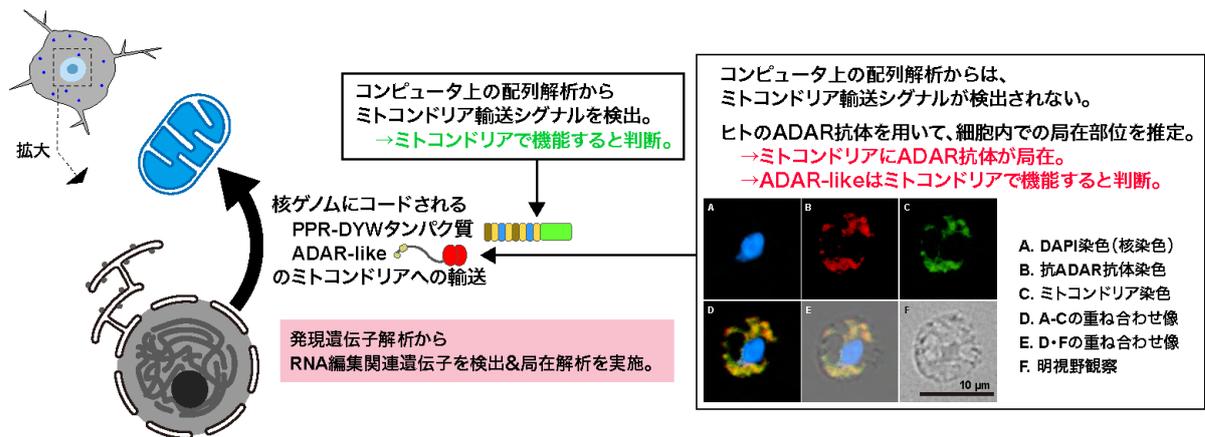


図 8. アセトスポラにおける PPR-DYW タンパク質および ADAR-like の役割

発現遺伝子解析から、PPR-DYW タンパク質および ADAR 様タンパク質 (ADAR-like) の配列を検出しました。配列情報にもとづくコンピュータ解析とヒト ADAR 抗体を用いた間接蛍光染色によって、PPR-DYW タンパク質と ADAR-like はそれぞれミトコンドリアに局在することが示唆されました。アセトスポラでは、これまで植物型・動物型として認識されていた 2 つの RNA 編集システムを活用していることが示されました。

さらに、今回検出されたアセトスポラの PPR-DYW タンパク質と ADAR-like の進化的起源についても解析を進めました。その結果、アセトスポラの PPR-DYW タンパク質と高い配列相同性をもつタンパク質をハラタケ目真菌 (※3) が有することが明らかになりました。これまでハラタケ目真菌のミトコンドリアにおいて PPR-DYW タンパク質による C→U 置換の報告はないため、この遺伝子の機能については今後の解析が待たれます。分子系統解析からは、アセトスポラとハラタケ目真菌の PPR-DYW タンパク質遺伝子は実際に姉妹関係にあることも分かりました。詳しい進化の順番は今回の解析では分かりませんでした。アセトスポラ・ハラタケ目真菌のいずれか一方の祖先生物に陸上植物から PPR-DYW タンパク質遺伝子の水平伝播 (※4) が起こり、その後そこからまた、アセトスポラの祖先→ハラタケ目真菌の祖先、あるいはその逆の水平伝播が起こったことが示唆されました (図 9)。ADAR-like に関する解析では、これまでに受け入れられてきた説とは異なり、複数の原生生物から ADAR-like の配列が検出されました。分子系統解析からは、ADAR-like は単系統群を形成し、後生動物

の ADAR と姉妹関係にあることが分かりました。これは、これまでの「mRNA における A→I 置換は、後生動物の祖先で初めて誕生した」という常識を覆すものです (図 9)。ADAR および ADAR-like の祖先遺伝子は、真核生物の共通祖先の段階で存在しており、その段階で既に mRNA における A→I 置換が起こっていた可能性が示唆されます。後生動物に近縁な系統である立襟鞭毛虫や真菌から ADAR および ADAR-like 遺伝子が見つからないことから、これらの生物では二次的に失った可能性が高いことも今回の解析からは示唆されます。今回新たに複数の原生生物より見出した ADAR-like の細胞内での局在や機能は現段階では不明です。アセトスポラのようにミトコンドリアで機能している可能性も排除はされませんが、既にミトコンドリアゲノムが解読されているにもかかわらず、RNA 編集の存在を示唆する報告はない種が含まれることから、後生動物のように核や細胞質で機能している可能性も高そうです。これらの知見は、RNA 編集現象そのものの多様性やその機能に関する理解は未だ限定的であり、これまでの想定以上に RNA 編集に関する進化は複雑であることを示しています。

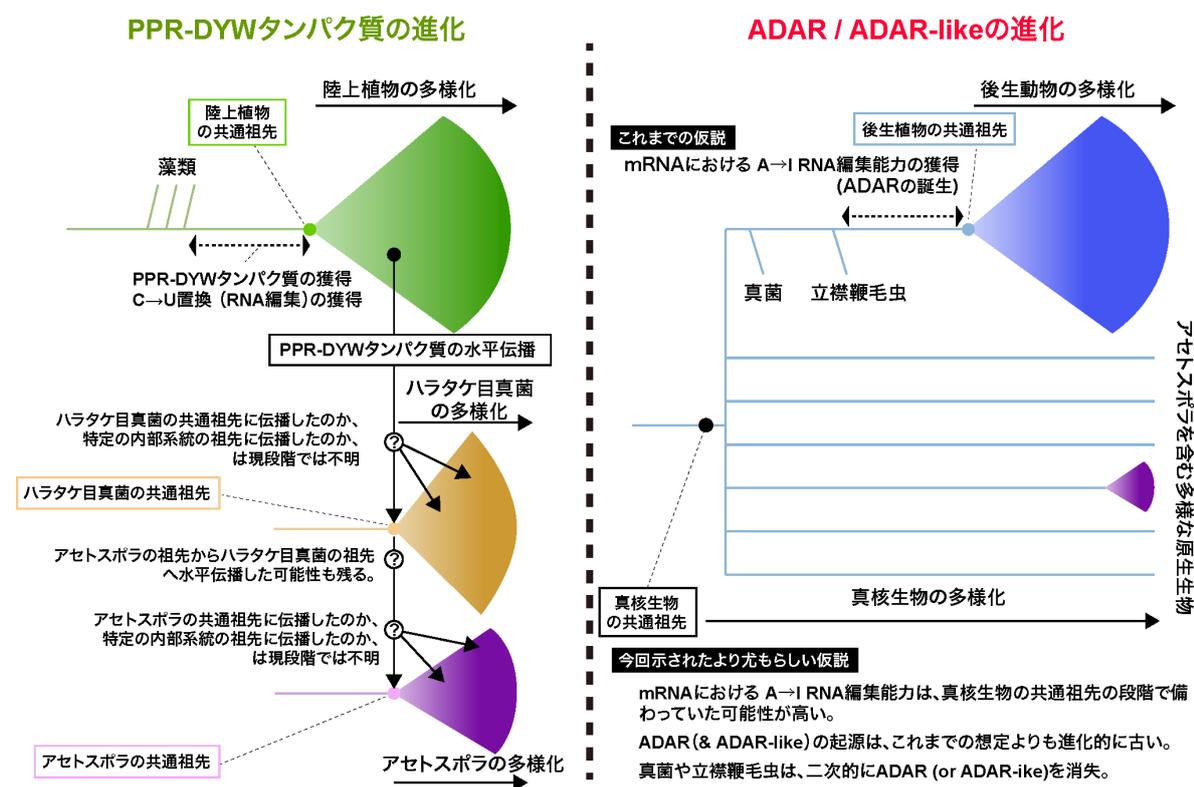


図 9. PPR-DYW タンパク質および ADAR/ADAR-like の進化史

公的データベースを精査した結果、ハラタケ目真菌も PPR-DYW タンパク質を有することを見出しました。ハラタケ目真菌の PPR-DYW タンパク質とアセトスポラの PPR-DYW タンパク質は進化的起源を共にし、いずれか一方の祖先生物に植物からの遺伝子水平伝播が起こったことが示唆されました。その後、ハラタケ目真菌あるいはアセトスポラへの祖先生物への水平伝播が連続して起こったと考えられます。また、ADAR についても、広範な真核生物が ADAR-like を有することも分かりました。mRNA の A→I RNA 編集の進化的起源はこれまでの想定よりもずっと古く、真核生物の共通祖先まで遡ると考えられます。

#### 【用語解説】

※2 間接蛍光染色：特定のタンパク質を認識する抗体（一次抗体）と蛍光色素を持ち一次抗体を認識する二次抗体を用いた観察。これによって、研究対象タンパク質の細胞内での局在部位を把握することができます。

※3 ハラタケ目真菌：担子菌門に属す分類群（目）。シイタケ、マツタケ、ホンシメジなど一般的に「きのこ」として認識される多くの種を含みます。

※4 遺伝子の水平伝播：遺伝子が親から子へという垂直的な方向ではなく、異種生物間を跨いで水平的に移動する現象。他者の DNA が、捕食や感染などの何らかの要因で取り込まれることで起こると考えられています。

## 5. 今後の展望

本研究でアセトスポラの培養方法が確立されたことで、今後より様々な研究が進展するでしょう。実験室内での感染実験などを通じて、寄生生物としてのアセトスポラの宿主生物への影響評価や自然環境中における生態学的な役割に関する理解も進むと期待されます。

今回見出した RNA 編集現象に関しては、これがアセトスポラという生物群の中でどの程度保存された特徴であるのか、内部系統ごとに違いがあるのか、その理解に向けた研究進展が待たれます。近年行われた環境 DNA 解析（※5）によって、現在認識されているアセトスポラの多様性は氷山の一角に過ぎず、数多くのアセトスポラ生物が未発見・未記載のまま自然環境中に残されていることが示されています。それら未だ認識に至っていない生物を含めたアセトスポラ全体における、RNA 編集現象の多様性や生物としての生活様式の違い（寄生生物の場合は、宿主生物への依存度の違い、など）を理解していくことで、RNA 編集機構の複雑化を駆動する進化的原動力や「変異を補正する」という機能の実際の貢献度に関する理解が進むと期待されます。また、アセトスポラ、ハラタケ目真菌、一部の原生生物より見出した PPR-DYW タンパク質および ADAR-like の機能に関する研究も重要です。その理解が進むことで、真核生物全体というより大きなスケールでの RNA 編集現象そのものとその役割に関する理解も大きく進展します。さらにそのメカニズムの詳細が理解できれば、新しい遺伝子工学技術の確立やミトコンドリアの機能に関係した一部疾患の治療法の確立につながる可能性もあります。

※5 環境 DNA 解析：水中や土壌中など環境中に存在する生物由来の DNA（＝環境 DNA）を解析する手法。生物のフンや粘液などに含まれる DNA や微生物そのものの DNA を分析し、その情報から生物の在不在に関する情報を網羅的に取得することができます。シーケンス技術の進歩とともに、様々な活動の中で広く用いられるようになっていきます。

お問い合わせ先：

(本研究について)

国立研究開発法人海洋研究開発機構  
海洋生物環境影響研究センター 主任研究員 矢吹 彬憲  
電話：046-867-9498 E-mail：[yabukia@jamstec.go.jp](mailto:yabukia@jamstec.go.jp)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構  
基盤技術研究本部  
高度分析研究センター ゲノム情報大規模解析ユニット 研究員 矢崎 裕規  
E-mail：[WWW\\_kiban@ml.affrc.go.jp](mailto:WWW_kiban@ml.affrc.go.jp)

国立大学法人愛媛大学  
先端研究院沿岸環境科学研究センター 大林 由美子  
電話：089-927-8551 E-mail：[obayashi.yumiko.nn@ehime-u.ac.jp](mailto:obayashi.yumiko.nn@ehime-u.ac.jp)

公立大学法人福井県立大学  
海洋生物資源学部 准教授 高尾 祥丈  
電話：0770-52-6300 E-mail：[takyoshi@fpu.ac.jp](mailto:takyoshi@fpu.ac.jp)

(報道担当)

国立研究開発法人海洋研究開発機構  
海洋科学技術戦略部報道室 電話：045-778-5690 E-mail：[press@jamstec.go.jp](mailto:press@jamstec.go.jp)

国立大学法人東北大学  
大学院農学研究科総務係 電話：022-757-4003 E-mail：[agr-syom@grp.tohoku.ac.jp](mailto:agr-syom@grp.tohoku.ac.jp)

東北大学・海洋研究開発機構 変動海洋エコシステム高等研究所 (WPI-AIMEC)  
アウトリーチ担当 電話：022-795-5620 E-mail：[aimec-pr@grp.tohoku.ac.jp](mailto:aimec-pr@grp.tohoku.ac.jp)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構  
基盤技術研究本部研究推進室  
E-mail：[WWW\\_kiban@ml.affrc.go.jp](mailto:WWW_kiban@ml.affrc.go.jp)

国立大学法人愛媛大学  
総務部広報課  
電話：089-927-9022 E-mail：[koho@stu.ehime-u.ac.jp](mailto:koho@stu.ehime-u.ac.jp)

公立大学法人福井県立大学  
小浜キャンパス企画サービス室  
電話：0770-52-6300 E-mail：[kyoiku-m@fpu.ac.jp](mailto:kyoiku-m@fpu.ac.jp)