論文審査の結果の要旨

氏名　谷澤　靖洋

谷澤氏から今回提出された学位論文は、*Lactobacillus* 属微生物ゲノム解析についてまとめた以下の３章からなる論文である。
第１章では低温増殖性乳酸菌 *Lactobacillus hokkaidonensis* の耐低温機構への知見を得るため基準株 LOOC260 株のゲノム解読およびその解析を行った。PacBio RSII シークエンサーを用いて決定された全ゲノム配列の解析により、他の植物環境由来の乳酸菌との間で共有される動的遺伝因子(integrative and conjugative element)を見出した。また、*Lactobacillus* 属の代表的菌種との比較により、グルタチオン合成・ベタインのトランスポーターなど耐低温ストレスへの関与が示唆される遺伝子を同定し、今後の低温での増殖機構の解明への足がかりを築いた。
第２章ではフルクトース資化性乳酸菌として知られる *Fructobacillus* 属の比較ゲノム解析を行った。フルクトースが豊富な環境に適応した結果、他の糖代謝に関わる遺伝子の欠落と顕著なゲノムサイズの縮退を伴った本属の退行的進化過程が明らかになった。また、*adhE* 遺伝子の欠如とフルクトースを電子受容体として使用するエネルギー産出効率に優れた本属の特異な代謝系が明らかになった。
第３章では乳酸菌ゲノムアーカイブ DAGA およびアノテーションパイプライン DFAST の開発について述べた。INSDC で公開されているゲノムのみならず、SRA の公開データの独自解析によって得られたゲノムを含む全 1,421 件のゲノムについて、その品質および系統的位置付けの査定を行い、独自に整備した参照データベースを用いてアノテーションを付与した。本研究の成果は、公共データの再利用への促進、ならびに今後普及が予測される大量ゲノム情報の処理技術向上に資することに加え、全ゲノム情報に基づいた微生物の分類・同定体系の確立への礎石となると期待される。さらに、豊富なゲノムデータを利用し、これまで未報告であった種内多様性や、耐ストレスに関連する遺伝子の特定環境における伝播を明らかにした。

以上の成果は、*Lactobacillus* 属微生物のゲノムがどのようにして構築され、進化を遂げてきているかを網羅的な視点から解析した独自性の高いものである。また、産出された微生物ゲノムデータをどのようにデータベースとして情報共有を行っていくのか、という方法論の構築についても新規性の高いものである。以上の理由から、谷澤氏の同論文は、学位取得要件を満たすのに十分であると判断された。

以上１０８０字