

# 論文審査の結果の要旨

氏名 エムディ. ヌルル ハイダー

本論文は 5 章からなり、第 1 章は緒言、次いで沿岸環境中の微生物群集構造の解析からなる第 2 章、MetaMetaDB を用いて沿岸域を中心にした微生物群集の起源に関する検討を行った第 3 章、異なる有機物への応答を実験的に調べた第 4 章、さらに総合考察の第 5 章からなる。

微生物群、なかでも原核生物は海洋生物の中でも最大の生物量と多様性を持ち、海洋のあらゆる場に分布している。また、有機物の分解と栄養塩の再生、さらに新たな粒状有機物の生成を通じて海洋生態系の維持に重要な役割を果たしている。その群集構造の解明は、そうした微生物群の機能を明らかにすると同時に環境の特性を把握していく上で重要な情報である。近年の分子生物学的な手法、とりわけ遺伝子解析技術の急速な発展により、多くの海域で真正細菌および古細菌の群集構造が解析されてきた。しかし、その構造形成には多くの物理化学的、生物的要因が複合的に関わっており、具体的なメカニズムには不明点が多い。そこで本論文では、沿岸域の 2 測点で群集構造の測定をすると同時に、それらの配列データの *habitability* をチェックしてその起源について考察するとともに、有機物への応答から沿岸域に優占的に見られる *Alphaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria*, *Flavobacteriia* の 3 綱の特性を明らかにすることを目的として研究を行った。その概要は以下の通りである。

茨城県大洗の海岸に港内および海岸の 2 点の観測点を設置し、異なる季節で計 5 回の採水と環境要因の測定を行った。海水試料から DNA を抽出し、16S rDNA の塩基配列を次世代シーケンサで求めた。また、さらに外洋域にて 3 点のデータを加え、MetaMetaDB によって、*habitability* を調べた。すなわち、対象とする配列がこれまでどこの環境に存在していたかを確認することを通じて、沿岸域あるいは外洋域の群集がどのような起源の菌群からなるかを推定した。さらに、沿岸水あるいは外洋の水を採取してそこに糖、アミノ酸などの単量体およびそれらが結合したポリマーを加えて培養し、どのような系統群がそれらを利用して増殖するかを調べた。

その結果、対象とした沿岸域では *Alphaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria*, *Flavobacteriia* の 3 綱に属す系統群が常に優占的に存在するものの、科あるいは属レベルでは時空間に応じて大きく変動し、近接した 2 測点にそれぞれ固有の属が存在すること、さらにそれぞれの出現 OTU について MetaMetaDB によって起源を検討したところ、海岸の測点の多くが海洋由来であるのに対し、港内の点には淡水、土壌などを起源とした OTU がより多くなること、*Flavobacteriia* は土壌から海洋を含む異なる *habitat* への適応群を含むことなどを明らかにした。こうした推定は通常塩基配列からは行えず、MetaMetaDB を用いて初めて示されたことである。さらに、異なる有機物の利用パターンを調べることにより、*Gammaproteobacteria* が主に単量体の利用に伴う早い増殖と減少を示すのに対し、*Flavobacteriia* はポリマーをゆっくりと分解する傾向を示すこと、

**Alphaproteobacteria** はその中間的な性状を示すことを明らかにした。

以上の結果から、本論文は沿岸域における微生物群集の詳細な解析に加え、**habitability** の解析と有機物の利用パターンから **Alphaproteobacteria**, **Gammaproteobacteria**, **Flavobacteriia** の 3 綱の特性を明らかにし、沿岸域での群集構造の形成要因について考察した論文で、今後の研究に貢献するものと判断されることから、博士論文に相応しいものと結論づけた。

なお、本論文第 2 章の一部は **Masahiko Nishimura**, **Kazuhiro Kogure** との共同研究であるが、論文提出者が主体となって分析及び検証を行ったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

以上 1,720 字