

## 審査の結果の要旨

氏名 鈴木 翔太郎

海洋細菌は、有機物の分解と栄養塩の再生を通して光合成生産を制御し、窒素、リン、硫黄といった生元素の代謝によって海洋の物質循環とつながっている。従って、その多様性や群集構造、機能を明らかにすることは、海洋の物質循環や生態系のしくみを理解するための基礎となる。近年、シーケンス技術の飛躍的発展により、海洋環境中の微生物多様性をグローバルに把握することが可能となってきた。一般に、海水環境中の細菌は、動植物プランクトンの遺骸や糞に由来する粒子に付着するものと、そうでないものに大別され、前者は粒子付着性（PA: particle-associated）細菌群、後者は自由生活性（FL: free-living）細菌群と呼ばれる。これらの細菌群は、その活性や群集構造に大きな違いがあることが報告されているが、グローバルスケールの研究で両者を比較した例は未だ報告されていない。本研究は、海水中の細菌群集について、太平洋における多様性や群集構造の変動パターンおよび、その変動を決める要因について明らかにすることを目的としている。特に、PA と FL 細菌群集を分けて比較解析することにより、新しい知見を得ることをめざしている。また、メタゲノム解析法を用いて PA と FL 細菌群集の機能ポテンシャル（遺伝子レパートリー）の違いや、海域間での違い、機能的な特徴についても調べている。

2011 年～2014 年、学術研究船白鳳丸による 4 回の航海に乗船し、北緯 68 度から南緯 40 度、水深 0m から水深 5472m までの様々な地点と深度で得た合計 254 の海水サンプルが解析対象となっている。まず、16S rRNA 遺伝子のアンプリコンシーケンスの結果から、太平洋の海水環境中には少なくとも 3 万種の細菌が存在することが示唆された。また、これまで局所的に示されていた PA 細菌群の高い多様性は、太平洋全体での普遍的な傾向であることがわかった。さらに、鉛直的な多様度の変動パターンや、系統群による特徴的な分布パターンが示された。特に *Verrucomicrobia* が PA に特化した細菌群であり、南太平洋亜熱帯域で多く *Verrucomicrobae* 綱と *Opitutae* 綱など系統群による分布海域の違いが見られることが初めて明らかとなった。次に、太平洋における PA および FL 細菌の多様性と群集構造の変動パターンを決める要因を特定するため、多様性と群集構造のデータを用いて、環境パラメータや空間データと

の相関解析を行い、さらにメタ群集理論に基づく移入や拡散の効果の有無が検証された。その結果、群集構造の変動を説明する環境パラメータが深度ごとに異なることや、表層では移入や拡散の効果が大きいことなどが明らかとなった。太平洋熱帯・亜熱帯域の試料については、アンプリコンシーケンスに加えて、PA および FL 細菌群集の機能ポテンシャルを比較するために、表層海水試料の比較メタゲノム解析が行われた。その結果、窒素、リン、鉄の膜輸送に関わる機能の有無が、PA と FL 間あるいは、海域間の違いに大きく寄与しており、栄養塩の枯渇に対する適応機能の違いが細菌群集構造を決める鍵となっていることが示唆された。

本研究では、太平洋における海洋細菌の多様性と群集構造、機能ポテンシャルについて、広範囲に採集された海水試料を用いて海盆スケールでの解析を行い、それらの空間的な変動パターンとその変動に影響する要因が明らかにされた。特に、海水中の細菌群集の生息場所として大きく異なる粒子付着性 (PA) と自由生活性 (FL) を分けて大規模に解析した初めての例として価値のある研究である。さらに、メタゲノム解析手法を用いて、細菌種の変動を左右する機能遺伝子の違いにまで踏み込んだ解析を行い、尿素やシアネート、ホスホン酸、ヒ素といった、細菌群集の変動の鍵となりうる新たなパラメータの存在が示されており、海洋の物質循環と生態系の変動を理解するための新たな視点を示す研究となっている。これらの研究成果は、農学分野における学術の発展に寄与するものである。よって審査委員一同は本論文が博士 (農学) の学位論文として価値あるものとして認めた。