

# 審査の結果の要旨

氏名 熊谷洋平

本論文は5章よりなり、第1章は緒言、第2章は海洋フラボバクテリアの遺伝子データセットの構築、第3章は海洋フラボバクテリアの系統プロファイリング、第4章はDUF2237 遺伝子の機能解析、第5章は総合考察からなっている。

近年、遺伝子解析技術の急速な進歩によって、多くの生物のゲノム情報が比較的短時間かつ安価に得られる時代に入りつつある。とりわけ原核生物については、形態的あるいは生理的な情報を得ることが難しい、多くの原核生物の培養が困難である、さらに比較的容易に遺伝子解析ができることから、近年急速にゲノム情報が集積しつつある。この集積は、原核生物同士のゲノム構造の比較や解析を可能にし、そこから原核生物の特定機能と系統との関係、進化プロセス、生態的な意義などを解き明かす新たな研究領域が広がってきた。本研究はそうした大規模比較ゲノムという手法を用いて、海洋に生息するフラボバクテリアという系統群の光環境適応について新たな知見を得ることを目的に研究を行ったものである。

2000年にいわゆるメタゲノムという手法を海洋に適用した結果、ロドプシン関連遺伝子が原核生物に広く分布することが見出され、その機能解析の結果、光エネルギーを利用してプロトンを細胞外に排出するプロトンポンプであることが確認された。このポンプはプロテオロドプシン（以下PR）と名づけられ、その後の解析から海洋表層の原核生物の半数程度までが保持する可能性が指摘されたことから、その生態的な意義が注目されるに至った。PRがプロトンを排出することによって内向きのプロトン駆動力が形成されるが、これはATP合成やべん毛運動、能動輸送などにエネルギーを供給する。プロトン駆動力は通常、呼吸鎖によって形成されるがその場合は例えばブドウ糖など、呼吸のための有機基質が必要となる。PRはそうした有機物を必要とせず、光エネルギーのみに依存するため、その保持は生理、生態的に極めて有利と考えられる。だとするならば、もっと広範な海洋原核生物にPRが広がってもよいのではなかろうか、必ずしもそうっていないのは、PRの保持に伴って何等かの不利な点があるためではなかろうか。本論文はそうした疑問に答えを出すことを狙ったもので、第1章にはそうした学問的背景と目的とが記述されている。

この疑問に答えるためには、PRを持った一群の原核生物とそれを持たない原核生物とのゲノム比較を行い、それぞれに特有の遺伝子があるかどうかを検証していく作業、つまり比較ゲノムを行う必要がある。ただし、これにはまず対象とする生物群を適切に選択する必要がある。PR遺伝子が特定の系統群に偏在している場合、何等かの特定の要因がその偏在を招いている可能性があり、結果の客観的解釈が難しくなる。また、信頼できるデータを得るためには、最低数十程度のゲノムを扱いたい。こうした要件を満たす生物群として、海洋フラボバクテリアを選び、データベースからゲノム情報を取得した。さらに、21種のゲノム解析を行うことにより、35のPR保持株、41のPR非保持株を得て解析対象とした。

ゲノム比較の結果、PR保持株、非保持株のそれぞれに固有の遺伝子の存在が明らかになった。前者では、Photolyase、blhに加え、DUF2237という未知遺伝子が、後者では色素産生関連遺伝子、および

嫌気的環境に特有の遺伝子の存在が確認された。photolyase は DNA の修復に関わる酵素で、光を浴びて変性した DNA を修復すると考えられる。Blh はロドプシンの機能の発揮に必要なレチナールの合成に関わる遺伝子である。一方 PR-に見られる色素関連遺伝子は細胞膜に色素を置くことにより、光ダメージから細胞を守ると考えられる。また非保持株は懸濁物のような酸素分圧が低い場に生息していることが予想される。

さらに二つの新しい知見が得られた。第一に、実験的な解析から、上記の DUF2237 は走光性に関わっていることを明らかにした。第二に、ゲノムサイズに関するもので、PR 保持株は非保持株と比較して有意にゲノムサイズが小さいことが分かった。これは、光ストレスを受けやすい PR 保持株の応答の一つと考えられる。このように、光への適応という観点から PR の保持あるいは非保持株は合理的な適応戦略を取っているものと結論づけられた。

なお、本論文の中心となっている第 2 章は、木暮一啓、吉澤晋、中島悠、渡辺麻衣、福永津嵩、小椋義俊、林哲也、大島健志朗、服部正平、池内昌彦、岩崎渉、Edward F. DeLong との共同研究であるが、論文提出者が主体となって解析およ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。

従って、博士（環境学）の学位を授与できると認める。

以上 1,969 字