論文審査の結果の要旨

氏名　楊　億

本論文は 4 章からなり、第 1 章は、イントロダクションであり、第２章は多くの系統解析単位（OTU）を用いたシアノバクテリア型の核コード光合成遺伝子 phosphoribokinase (*PRK*) 遺伝子の系統解析、第 3 章はクロララクニオン藻の新規トランスクリプトームを用いた紅色系遺伝子の網羅的解析による検出、第 4 章は総合的な議論が述べられている。

クロララクニオン藻類は糸状仮足をもつスーパーグループ「リザリア」の１系統で緑藻由来の二次色素体をもつので、核ゲノム中には細胞内共生的遺伝子水平伝達 (EGT) 由来の緑藻起源の遺伝子が存在することが考えられる。ところが、最近のゲノム情報の解析から紅色系（紅藻紅色系二次植物）の核コード遺伝子が検出された。しかし、これらの解析で用いたクロララクニオン藻類は核ゲノムが公開されている *Bigelowiella natans* 1 種だけである。また、Curtis et al. (2012, Nature) は自動系統樹作成のパイプラインを使用しているが、このようなパイプラインは使用するデータベースの由来生物の組成に偏りがあるので、結果が偏ることがあると指摘されていた。

従って、本研究は縮重プライマー法でクロララクニオン藻類を含む合計 5 種の新規 *PRK* の配列を決定し、多くの OTU で系統解析を実施した。その結果、紅藻からの *PRK* の遺伝子水平伝達（LGT）はクロララクニオン藻の祖先段階であったことが推測された。このようなクロララクニオン藻の祖先段階における紅色系からの LGT の原因を推測するには、ゲノム全体を対象とした網羅的な解析と核ゲノム配列が公開されている *B. natans* に加えてもう 1 種のクロララクニオン藻の大量の配列データが必要であると思われた。したがって、*B.*

natans とは系統的にも最も離れたクロララクニオン藻の 1 種 *Amorphochlora amoeboformis* の RNA 配列をロシュ/454 次世代シーケンサーで網羅的に決定した。次に *A. amoeboformis* のデータを含むローカルデータベースを構築し、自作スクリプトも作成し、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターのスパーコンピュータを用いてシアノバクテリア型の赤色系遺伝子の網羅的探索をするためのパイプラインを構築した。*B. natans* 21,708 遺伝子の推定アミノ酸配列をクエリーとした解析で検出された遺伝子のアライインメントに関して、マニュアルでチェックした後、最尤法とベイス法で系統解析を実行し、Curtis et al. (2012) で検出された紅色系遺伝子も参考にし、最終的に 11 個のクロララクニオン藻遺伝子がシアノバクテリア型で赤色系に位置することを明らかにした。このうちクロララクニオン藻の調査した２種が単系統を形成していて、本藻の系統の祖先段階で赤色系からの LGT があったと推測されたのは 9 個であった。従って、祖先段階で赤色系からの EGT で多くの遺伝子が伝搬された可能性が示唆された。11 遺伝子におけるクロララクニオン藻の赤色系内での系統的位置は 5 個が紅色系二次植物であり、*PRK* だけが紅藻型であった（残り 5 個は不明）。また、11 個の多くの遺伝子は機能的に光合成・色素体に関連したもので、系統樹に含まれた殆どの真核生物の OTU が色素体をもつ。従って、これら紅色系遺伝子はクロララクニオン藻類の現在の緑色の二次色素体を獲得する直前に機能していた紅色系二次植物の色素体由来の EGT 遺伝子の可能性がある。このことは、現在の緑色の二次色素体はその前に存在していた赤色系二次植物の色素体と入れ替ったことを示唆した。また *PRK* は紅色系二次植物が紅藻から離れていることもあり、今回のほかの遺伝子とは異なる起源である可能性が考えられた。以上のように本研究ではこれまでに用いられていなかったクロララクニン藻の次世代シーケンサーによる配列決定とスーパーコンピュータを用いた網羅的解析

から、その祖先段階で複数の紅色系からの LGT が起きたことを証明した。さらにその結果に基づき、クロララクニオン藻の現在の緑色の色素体を獲得する以前に紅色系の色素体を持っていた可能性を示し、極めてオリジナリティーの高い研究成果となった。

なお、本論文第 2 章と 3 章の一部は丸山真一朗・関本弘之・坂山英俊・松崎素道・高橋文雄・曲磊・野崎久義との共同研究であるが、論文提出者が主体となって観察及び解析を行ったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

したがって、博士（理学）の学位を授与できると認める。