

# 論文審査の結果の要旨

氏名 林 庚 澤

本論文は大きく二部構成をとっている。

第一部は第 3 章が対応し、細菌遺伝子における翻訳開始シグナルとして知られている Shine-Dalgarno 配列（ここではオリジナルに大腸菌で発見されたシグナルだけでなく、すべての細菌の対応するシグナルについての総称としてこの名称を用いている）と、リボソーム小サブユニット rRNA 中のその相補配列の間の相互作用（Shine-Dalgarno 相互作用）の網羅的な進化学的・比較ゲノム学的配列解析について報告されている。遺伝子の翻訳という、生命の本質にかかわる現象に直接かかわっていることもあって、この相互作用およびこれを媒介する配列モチーフは、これまでユニバーサルなものと考えられてきた。しかし、論文提出者らが 1000 を越す真正細菌のゲノムを調べてみたところ、系統上で遠縁にあたる 15 の細菌において、rRNA 上のモチーフ（と対応する mRNA 上のシグナル）が消失していることが判明した。それらの細菌の多くは寄生性で、ゲノムの多くが失われているものなので、両者の間に関連性があるのかもしれない、細胞内共生など、細菌の進化を考える上で、重要な発見であると認められる。

第二部は第 4 章が対応し、植物細胞内に存在する葉緑体などのプラスチドのゲノムにおける Shine-Dalgarno 相互作用に関する進化的・比較ゲノム学的解析について報告されている。よく知られているように、これらのプラスチドは原核生物（シアノバクテリア）が原始真核細胞内に共生した結果誕生したものと考えられており、実際真核細胞内にありながら、プラスチドゲノム上の遺伝子は細菌と同様の Shine-Dalgarno 相互作用による翻訳開始制御を受けている。第一部で述べられた研究では、寄生等によって、大規模なゲノムの消失が起こった細菌ゲノムにおいて、Shine-Dalgarno 相互作用の消失が観察されることが多かった。従って、同様の出来事を経たと思われるプラスチドを調べてみようと思いついたわけである。結果は予想通り、Shine-Dalgarno 相互作用の並行的な（すなわち rRNA、mRNA における同時的）消失が様々な系統の植物のプラスチドにおいて観察された。さらに、いくつかのプラスチドにおいては、rRNA/mRNA 間の相補配列パターンが、標準的なそれから少し 5'もしくは 3'方向にシフトしているらしいことを報告している。系統樹と関連づけてみると、段階的にこのシフト、すなわち rRNA と mRNA の間の共進化が起こっている様子が初めて推定できた。この結果は、タンパク質の翻訳開始装置には従来考えられていた以上の可塑性が備わっていることを示す、興味深いものと言える。

一般的に言って、rRNA 上の突然変異は、多くの mRNA の機能に影響する可能性が大きいだけに、致死性であることがほとんどであろうが、場合によっては、大きな進化を引き起こす契機とも成り得るのかもしれない。特に本論文で報告された Shine-Dalgarno 相互作用が消失してしまったと思われる細胞では、どのようにして翻訳開始の制御が行われているのか（あるいは行われていないのか）を明らかにすることは、今後の重要な研究課題であろう。その意味で、本論文は今後のより詳細な進化的解析の必要性を示した先駆的な業績とも考えられる。また、現在も急速に増加している様々な生物種のゲノム塩基配列をうまく活かした興味深い研究でもある。

なお、本論文第 3 章で述べられた研究は、古田芳一、小林一三との共同研究であるが、論文提出者が主体となって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。同様に、本論文第 4 章で述べられた研究は、小林一三、中井謙太との共同研究であるが、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（生命科学）の学位を授与できると認める。

以上 1596 字