

氏名	西村 祐貴
学位の種類	博士（理学）
学位記番号	博 甲 第 7737 号
学位授与年月日	平成 28年 3月 25日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当
審査研究科	生命環境科学研究科
学位論文題目	Diversity and Evolution of Protist Mitochondria: Introns, Gene Content and Genome Architecture (プロティストミトコンドリアの多様性と進化：イントロン、遺伝子組成、ゲノム構造)

主査	筑波大学教授	学術博士	橋本 哲男
副査	筑波大学准教授	博士（理学）	稲垣 祐司
副査	筑波大学教授(連携大学院)	博士（医学）	野崎 智義
副査	筑波大学准教授	博士（工学）	天笠 俊之

論 文 の 要 旨

ミトコンドリアは真核生物の祖先細胞に α -プロテオバクテリアが共生したことによって誕生したオルガネラ（細胞小器官）であり、通常原核生物型の独自のゲノム（mtDNA）をもつ。オルガネラ化の過程でそのゲノムには高い縮小圧がかかったと推測でき、自由生活性の α -プロテオバクテリアゲノムに比べ、これまで研究された mtDNA はゲノムサイズ・遺伝子組成ともに大きく縮小している。一方、真核生物の系統間で mtDNA の縮退の度合い（ゲノムサイズや遺伝子組成）やゲノム構造は大きく異なり、mtDNA の多様性は真核生物の系統毎に独立に進行したと考えられる。しかしこれまで mtDNA の研究が行われた生物群は、後生動物や菌類、陸上植物、緑藻に偏っており、現在の mtDNA データが真核生物の多様性を十分に網羅しているとは言い難い。本研究では、mtDNA の多様性の全貌解明の一環として、クリプトスタ生物群のうちカタブレファリス類 *Leucocryptos marina* および *Palpitomonas bilix*、クリプトスタ生物群との近縁性が示唆されているハプト藻 *Chrysochlomulina* sp. NIES-1333 株と未記載有中心粒太陽虫 SRT127 株について、mtDNA の解読とゲノム構造の解明を行った。

西村氏はまず、*L. marina* の mtDNA の部分配列（約 12 Kbp）と *Chrysochromulina* の環状 mtDNA（約 34 Kbp）の完全長を決定した。*L. marina* mtDNA には2つの、NIES-1333 株の mtDNA には3つのイントロンが発見された。西村氏の解析では、*L. marina* mtDNA 中の2つのイントロンが、それぞれ緑藻と菌類の mtDNA 中のイントロンと近縁であることが示唆された。同様の解析から、*Chrysochromulina* mtDNA 中の3つのイントロンのうち2つのイントロンについては、珪藻 mtDNA 中のイントロンとの近縁性が示唆された。2つの mtDNA の解析結果は、プロティスト

の mtDNA は転移性イントロンの侵入を頻繁に受けており、mtDNA の進化が縮退だけではない複雑なものであることを示唆している。

クリプタ生物の一種である *P. bilix* の mtDNA の解析では、全長約 76 Kbp の線状ゲノムが復元された。この mtDNA は約 15 Kbp の単一コピー領域の両端に、約 30 Kbp に及ぶ Inverted repeats が接した極めて特異な構造であった。このような mtDNA 構造は、*P. bilix* とは異なる系統群に属するプロティスト 2 種で報告されており、mtDNA 構造に収斂進化が起こったと考えられる。また、*P. bilix* mtDNA には 45 種類の典型的なミトコンドリアタンパク質 (mt タンパク質) が同定されたが、この mt タンパク質のレパートリーの大部分は、西村氏が研究を開始する前に解読されたクリプト藻類 2 種の mt タンパク質レパートリーと共通であった。ただし *P. bilix* mtDNA には、クリプト藻を含む大部分の mtDNA にはコードされていない真正細菌型遺伝子クラスターが発見された。この事実は、*P. bilix* mtDNA がクリプト藻 mtDNA とくらべてより祖先的な形質を保持していることを示唆する。

先行研究では有中心粒太陽虫類の系統的位置は未確定であるが、クリプタ生物群との近縁性が示唆されている。西村氏は、複数の mt タンパク質データに基づく系統解析により有中心粒太陽虫類の系統的位置を検討するため、未記載有中心粒太陽虫 SRT127 株の 113 Kbp の環状 mtDNA を解読した。複数遺伝子データに基づく系統解析のため、アライメントデータを管理する新たなデータベースを構築し、11 種の mt タンパク質のアライメントを作成した。この 11 タンパク質データの系統解析では、系統シグナルの不足のために有中心粒太陽虫の系統的位置を確定することはできなかったが、構築したデータベースの有効性を検証することができた。

審 査 の 要 旨

近年の研究ではクリプト藻に近縁な生物種が新たに発見されており、現段階でも我々はクリプタ生物群とその系統的近縁種の多様性を過小評価していると考えられる。西村氏は4種の生物のmtDNAを解析することで、謎のベールに包まれたこの系統群の多様性の解明にチャレンジした。その結果、系統的に離れた真核生物間でのイントロンの水平伝播、イントロンとそのイントロン内部にコードされているタンパク質の進化、mtDNA構造の進化に関する新たな知見を得ることに成功した。これらのmtDNAデータとその解析により、我々のmtDNAの多様性と進化に関する理解を深化させることができた。また、有中心粒太陽虫の系統的位置は確定できなかったが、効率的に複数遺伝子データを取り扱うために新しいアライメントデータベースの構築と検証を行った。以上の成果は、真核生物進化、とくにmtDNAの多様性と進化の理解に対する多大な貢献であり、高く評価できる。

平成28年1月27日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のものに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士（理学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。