

論文 / 著書情報
Article / Book Information

題目(和文)	偏性細胞内共生細菌ゲノム縮小進化の傾向と進化駆動原理に関する研究
Title(English)	Trends in reductive genome evolution in obligate endosymbionts and implication for their evolutionary driving force
著者(和文)	金城幸宏
Author(English)	Yukihiro Kinjo
出典(和文)	学位:博士(理学), 学位授与機関:東京工業大学, 報告番号:甲第11215号, 授与年月日:2019年6月30日, 学位の種別:課程博士, 審査員:本郷 裕一,伊藤 武彦,田中 寛,二階堂 雅人,山田 拓司,梶川 正樹
Citation(English)	Degree:Doctor (Science), Conferring organization: Tokyo Institute of Technology, Report number:甲第11215号, Conferred date:2019/6/30, Degree Type:Course doctor, Examiner:,,,,,
学位種別(和文)	博士論文
Category(English)	Doctoral Thesis
種別(和文)	論文要旨
Type(English)	Summary

(論文博士)
(Dissertation Doctorate) (論文博士)
(Dissertation Doctorate)

論 文 要 旨 (和文2000字程度)

Dissertation Summary (approx. 2000 characters in Japanese)

報告番号 For administrative use only	乙 第 号	氏 名 Name	金城 幸宏
---	----------------------------	---------------	---------

生物の進化は基本的に遺伝子配列の時系列変化に由来する。生物を構成する遺伝子配列の総体をゲノムと呼ぶが、ゲノムがどう変化するかということは生物の進化に密接に関わる。特に細菌では、内部共生の偏性化に伴い多くの遺伝子を失い、もはや宿主体外では生存不可能なほどにゲノムが縮小する。このような極端なゲノム進化の駆動原理を解明することはゲノム進化の本質を理解するにあたり不可欠である。偏性細胞内共生細菌（以下、共生細菌）の縮小ゲノム進化を説明する仮説はいくつかあるが、現在最も有力なものは、共生に伴う細菌集団構造の変化に由来する遺伝的浮動の不可逆的な蓄積が多くの遺伝子欠損を引き起こしたという仮説である。

しかし、これまでなされてきた先行研究における各種解析手法には多くの問題があり、また、その他の仮説についても十分な検証がなされているとは言えない状況である。本研究では、細菌属内ならびに属間における進化傾向を比較することで、共生細菌の縮小ゲノム進化に関する既存の仮説の有効性を検証した。

1) ゴキブリ目の偏性細胞内共生細菌におけるアミノ酸生合成遺伝子消失の並行進化

現存するほぼすべてのゴキブリは *Blattabacterium* と呼ばれる共生細菌を保有している。この細菌は、宿主の成長および生殖において必須であるが、ゴキブリからシロアリへ進化する過程で失われている。これについて、最も原始的なシロアリである *Mastotermes darwiniensis* とその姉妹群に当たる *Cryptocercus* 属ゴキブリでは、保有する *Blattabacterium* のゲノムにおいて他系統と比較して~10%ほどの遺伝子が欠損しており、共生系崩壊の過渡期にあると考えられている。本章ではこの *Cryptocercus* 属において多数の宿主系統を用いた比較ゲノム解析を行うことにより、当該細菌においてどのように遺伝子欠損が進化したのかを調査した。その結果、*Cryptocercus* 属および *M. darwiniensis* において生じた遺伝子欠損が、およそ必須アミノ酸の生合成経路に偏っていることが明らかになった。また、*Cryptocercus* 属内で当該遺伝子群の有無に種間および種内差があることから、それらの欠損が *Cryptocercus* 属と *M. darwiniensis* の間でそれぞれの系統で独立に進化したことが明らかになった。これらの結果は、*Blattabacterium* 系統間における遺伝子欠損は、遺伝的浮動の不可逆的な蓄積よりもむしろ特定の遺伝子群に対する選択圧の緩和により決定論的に進化したことを示唆している。

2) 偏性細胞内共生細菌における縮小ゲノム進化傾向の解析

共生細菌における縮小ゲノム進化を説明する仮説は、1) 集団構造の変化に由来する遺伝的浮動の不可逆的な蓄積（ラチェット仮説）、2) 突然変異率の増加（変異率増加仮説）、3) 細胞内環境への適応による選択圧の緩和（合理化仮説）、の3つに大別される。共生細菌とそれらに近縁な自由生活性細菌ゲノムにおける純化選択圧強度の推定値に差がある例がいくつか報告されたことから、ラチェット仮説が最も広く受け入れられている。しかしながら、これまで行われてきた比較解析においては解析手法に内在する問題や対象とする生物種の偏りから、既存の仮説について包括的に検証されたとは言い難

い。本研究ではそれらの諸問題点をふまえた上で新たに広範なデータセットから塩基置換速度などの各種進化パラメータを推定し、細菌属間で比較することで既存の仮説の有効性について検証した。その結果、共生細菌の縮小ゲノム進化の大部分は、突然変異の蓄積に支配的に駆動されているが、状況に応じて特定機能に対する選択圧の緩和や集団サイズの変化による遺伝的浮動の増加も部分的に貢献している可能性が示唆された。

以上のように本博士論文では、共生細菌の縮小ゲノム進化における全体的な傾向として、共生に由来する集団サイズの縮小がもたらす遺伝的浮動よりも、置換率の増加がより支配的に寄与していることが示唆された。これは、既存の共生細菌ゲノムの進化が細菌に普遍的な分子進化の駆動原理に強く影響を受けていることを示唆している。今後さらにこれらの解析を進めることで、共生細菌の縮小ゲノム進化のみならず、より普遍的な分子進化の駆動原理に関する洞察が得られると期待される。

備考：論文要旨は、和文2000字と英文300語を1部ずつ提出するか、もしくは英文800語を1部提出してください。

Note: Dissertation summaries must be written in either of the following formats: (A) both in Japanese (approx. 2000 characters) and in English (approx. 300 words), or (B) in English (approx. 800 words).

注意：論文要旨は、東工大リサーチリポジトリ（T2R2）にてインターネット公表されますので、公表可能な範囲の内容で作成してください。

Important: Dissertation summaries will be published online on the Tokyo Tech Research Repository (T2R2). Do not include information treated as confidential under certain circumstances.

論文要旨（英文）

（300語程度）

Dissertation Summary (approx. 300 words in English)

報告番号 For administrative use only	乙 第 号	氏 名 Name	金城 幸宏
Evolution of organisms is ultimately derived from variation of genomic sequences. One of the most universal and extreme trend of genome evolution is its size reduction in endosymbiotic bacteria. During long-time coevolution between endosymbionts and their hosts, the genomes of the symbionts have lost many genes. Although several hypotheses have been proposed to explain this universal trend, the most prevailing one is the accumulation of genetic drift due to the small population size of endosymbionts. However, due to some methodological problems and sampling biases in previous studies, there are still much to be done to test those hypotheses. In this study, I performed evolutionary genomics based on intra/inter-genus comparisons of symbiont genomes. First, I investigated the trend of genome reduction in <i>Blattabacterium</i>, the obligate endosymbiont of cockroaches. Both <i>Blattabacterium</i> and the hosts obligately depend on each other; however, this endosymbiont has been lost during the cockroach-to-termite evolution. Loss of a primary endosymbiont without acquiring an additional co-obligate endosymbiont is quite rare, and thus, little is known about how such phenomenon evolves. Comparative genomics on the relatively smaller <i>Blattabacterium</i> genomes from <i>Mastotermes</i> and <i>Cryptocercus</i>, which are the most primitive termite and its sister group cockroaches respectively, suggests that these <i>Blattabacterium</i> strains have lost many genes in parallel. In addition, most of the lost genes are functionally biased. These results suggest that the reductive genome evolution in <i>Blattabacterium</i> is mainly governed by function-specific relaxation of purifying selection. Second, I expanded these analyses to other insect endosymbiotic systems. As a result, I found that enhanced level of genetic drift is not likely the dominant factor for endosymbiont genome reduction. Rather, several factors, such as relaxed selection on particular functions, are driving the genome reduction in a complex manner.			

備考：論文要旨は、和文2000字と英文300語を1部ずつ提出するか、もしくは英文800語を1部提出してください。

Note: Dissertation summaries must be written in either of the following formats: (A) both in Japanese (approx. 2000 characters) and in English (approx. 300 words), or (B) in English (approx. 800 words).

注意：論文要旨は、東工大リサーチリポジトリ（T2R2）にてインターネット公表されますので、公表可能な範囲の内容で作成してください。

Important: Dissertation summaries will be published online on the Tokyo Tech Research Repository (T2R2). Do not include information treated as confidential under certain circumstances.