

論文 / 著書情報
Article / Book Information

題目(和文)	原生生物細胞表面に異なる深度で共生するDesulfovibrio属細菌の比較ゲノム解析による共生進化過程の解明
Title(English)	
著者(和文)	竹内真理子
Author(English)	Mariko Takeuchi
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11717号, 授与年月日:2022年3月26日, 学位の種別:課程博士, 審査員:本郷 裕一,伊藤 武彦,二階堂 雅人,増田 真二,山田 拓司
Citation(English)	Degree:Doctor (Science), Conferring organization: Tokyo Institute of Technology, Report number:甲第11717号, Conferred date:2022/3/26, Degree Type:Course doctor, Examiner:,,,,
学位種別(和文)	博士論文
Category(English)	Doctoral Thesis
種別(和文)	審査の要旨
Type(English)	Exam Summary

(博士課程)

論文審査の要旨及び審査員

報告番号	甲第	号	学位申請者氏名	竹内真理子		
論文審査 審査員			氏 名	職 名		
	主査		本郷裕一	教授	山田拓司	准教授
	審査員		伊藤武彦	教授		
			二階堂雅人	准教授		
			増田真二	准教授		

論文審査の要旨（2000 字程度）

本論文は「原生物細胞表面に異なる深度で共生する *Desulfovibrio* 属細菌の比較ゲノム解析による共生進化過程の解明」と題し、4 章より構成されている。

第一章「序論」では、まず細胞共生の生物進化における重要性と、多様な細胞共生が観察できるシロアリ腸内微生物群集の研究材料としての優位性を説明している。その中で、*Trichonympha* 属原生物と *Desulfovibrio* 属細菌の細胞共生においては、宿主原生物種ごとに細菌の共生形態（表面付着共生か埋没共生か）が異なることに着目し、それら共生細菌の比較ゲノム解析を行うことで細胞共生進化過程を解明する、という本研究の目的と意義を述べている。

第二章「*Desulfovibrio* 属細菌 ZnDsv-02 系統型と Rs-N31 系統型および近縁自由生活種の比較ゲノム解析」では、ネバダオオシロアリ腸内原生物 *Trichonympha collaris* の細胞表面に付着共生する *Desulfovibrio* 属細菌 ZnDsv-02 系統型のゲノム解析を行っている。同細菌と宿主原生物は培養困難であるため、*T. collaris* の 1 細胞からマイクロマニピュレーターで ZnDsv-02 細菌を含む細胞前部のみを分取し、全ゲノム増幅法によって DNA を調製後、次世代シーケンサーで配列取得を行っている。ゲノム解析の過程で、宿主 1 細胞上の ZnDsv-02 細菌群内に多数のゲノム配列変異を発見したことから、同細菌が宿主細胞分裂時に娘細胞に垂直伝播されるだけでなく、異なる *T. collaris* 細胞間での水平伝播も生じている可能性を指摘している。同細菌のゲノムサイズは 1.6 Mb と近縁自由生活型細菌の半分程度に縮小していたが、「大幅なゲノムサイズ縮小は細胞内共生細菌が厳密に垂直伝播されていく過程で生じる」という定説に反する現象であったことから、宿主間での水平伝播が起こり得る細胞表面共生体であっても、共生系の中で機能が限定されることでゲノムが大幅に縮退する可能性を提起している。また、ZnDsv-02 系統型の予測代謝機能は、過去にゲノム解読済みの *Desulfovibrio* 属細菌 Rs-N31 系統型（ヤマトシロアリ腸内原生物 *Trichonympha agilis* 細胞表面埋没共生体）と同様で、硫酸呼吸あるいはフマル酸呼吸によって水素を酸化・除去して宿主原生物の木質分解発酵を促進すると推定されたが、フマル酸呼吸を可能としているリンゴ酸/コハク酸アンチポーターを他の *Desulfovibrio* 属細菌は保有していない。そのことから、ZnDsv-02 系統型と Rs-N31 系統型の共通祖先が同遺伝子を他細菌系統群から水平伝播で獲得したことが、木質代謝産物としてリンゴ酸を生成すると予測されている原生物細胞への共生を促進した、と考察している。

第三章「*Desulfovibrio* 属細菌 ZnDsv-02 系統型の同時共生細菌 ‘*Ca. Adiutrix intracellularis*’ のゲノム解析」では、*T. agilis* と Rs-N31 系統型の細胞共生系には存在せず、*T. collaris* と ZnDsv-02 系統型の細胞共生系にのみ存在する細胞内共生細菌 ‘*Ca. Adiutrix intracellularis*’（Deltaproteobacteria 綱）のゲノム配列を解読し、*Trichonympha* 属原生物と *Desulfovibrio* 属細菌が構成する共生系への影響を評価している。その結果、ビタミン B12 を合成可能な *Adiutrix* 細菌が後から共生系に加わったことにより、ZnDsv-02 系統型細菌のビタミン B12 合成経路が偽遺伝子化するなど、ZnDsv-02 系統型細菌の代謝系合理化とゲノム縮小を促進しているとともに、*Adiutrix* 自身も多数の偽遺伝子を保有しており、特に機能重複する遺伝子の一方が偽遺伝子化するなど、代謝系合理化によるゲノム縮退が進行中であると考察している。

第四章「結論」では、第二章と第三章で得られた結果と考察を総括している。

以上を要するに、本論文は原生物細胞共生細菌の比較ゲノム解析によって、細胞共生進化の新たな側面を明らかにしたものであり、理学上貢献するところが大きい。よって、本論文は博士（理学）の学位論文として十分な価値があるものと認められる。

注意：「論文審査の要旨及び審査員」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