T2R2 東京工業大学リサーチリポジトリ
Tokyo Tech Research Repository

# 論文 / 著書情報
# Article / Book Information

| | |
|---|---|
| 題目(和文) | 氷河無脊椎動物に共生する細菌叢の網羅的群集構造・機能遺伝子解析 |
| Title(English) | |
| 著者(和文) | 村上匠 |
| Author(English) | Takumi Murakami |
| 出典(和文) | 学位:博士(理学),<br>学位授与機関:東京工業大学,<br>報告番号:甲第10420号,<br>授与年月日:2017年3月26日,<br>学位の種別:課程博士,<br>審査員:本郷 裕一,田中 寛,増田 真二,加藤 明,中島 信孝 |
| Citation(English) | Degree:Doctor (Science),<br>Conferring organization: Tokyo Institute of Technology,<br>Report number:甲第10420号,<br>Conferred date:2017/3/26,<br>Degree Type:Course doctor,<br>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 |

Powered by T2R2 (Tokyo Institute Research Repository)

（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 | 村上　匠 | |
|---|---|---|---|---|---|
| 論文審査<br>審 査 員 | | 氏　名 | 職　名 | 氏　名 | 職　名 |
| | 主査 | 本郷　裕一 | 教授 | 中島　信孝 | 准教授 |
| | 審査員 | 田中　寛 | 教授 | | |
| | | 増田　真二 | 准教授 | | |
| | | 加藤　明 | 准教授 | | |

論文審査の要旨（2000 字程度）

本論文は、「氷河無脊椎動物に共生する細菌叢の網羅的群集構造・機能遺伝子解析」と題し、氷河上に特異的に生息するコオリミミズ（*Mesenchytraeus solifugus*）と氷河カワゲラ（*Andiperla willinki*）の共生細菌叢の群集構造と機能を解析したもので、序論と結論を含む５つの章から構成されている。

序論で氷河生態系を過去の知見に基づいて概観し、微生物群集の重要性と、氷河無脊椎動物の共生細菌叢については研究例が皆無であることなどを述べ、本研究の独創性と意義を明らかにしている。

第１章「コオリミミズ共生細菌群集構造解析」では、アラスカの Byron 氷河と Harding 氷原でそれぞれコオリミミズと雪氷試料を収集して DNA と RNA を抽出し、真正細菌 16S rRNA の V3-V4 領域を PCR 増幅して、次世代シーケンサーで総計約 200 万本の配列を取得している。その配列を基に、異なる氷河由来のコオリミミズと雪氷試料間で細菌群集構造比較を行ったところ、まずコオリミミズ共生細菌叢と周辺氷河上の細菌叢の群集構造が大きく異なることを明らかにしている。Mollicutes 綱や Lachnospiraceae 科などに属する、一般に動物の組織や腸内に共生する細菌系統群の配列が、ほぼコオリミミズ試料からのみ見出され、これらはミミズが氷河に進出する以前から共生関係を継続してきたものと考察している。一方、Betaproteobacteria 綱や Planctomycetacia 綱などに属する、雪氷環境に特有な細菌系統群の配列が氷河試料とコオリミミズ試料の両方から検出され、これらの多くは餌としてコオリミミズに摂食されたと考えられるが、一部の種は DNA 試料よりも RNA 試料で有意に多く検出されており、それらが日和見的な腸内細菌としても機能する可能性を論じている。さらに、本来雪氷環境に特有な *Arcicella* 属と *Herminiimonas* 属の細菌配列が、ほぼコオリミミズ試料のみから検出されており、*Arcicella* 属細菌については、コオリミミズ体表に群集を形成することも確認している。これらは、雪氷環境由来の細菌が、コオリミミズと共生関係を持ち始めた例ではないかと考察している。

第 2 章「氷河カワゲラ腸内細菌群集構造解析」では、チリのパタゴニア氷床で採集した氷河カワゲラの腸と糞と周辺の雪氷試料について、第 1 章と同様にして、総計約 170 万本の 16S rRNA 配列に基づく細菌群集構造解析を行っている。氷河カワゲラの腸と糞では、Porphyromonadaceae 科や Lachnospiraceae 科などに属する、動物腸内細菌として知られる系統群の配列が優占的で、雪氷試料とは大きく異なることを明らかにしている。*Polaromonas* 属など本来雪氷環境に特有な系統群に属する細菌種の一部も、カワゲラ腸と糞にほぼ特異的に配列が見出され、また DNA 試料よりも RNA 試料で有意に多く検出されており、腸内細菌として機能する可能性を論じている。

第 3 章「氷河カワゲラ腸内細菌群集の網羅的機能遺伝子解析」では、第 2 章で解析した氷河カワゲラの腸と糞便試料を用いて、メタゲノム配列解析に基づく機能推定を行っている。得られた 2.5 kb 以上のコンティグ約 27,000 本を、78 個の細菌系統群に分類し、その中でゲノム被覆率が高く、氷河カワゲラ腸内に特異的と見られる 4 つの細菌系統群を選び、糖質分解酵素群と無機窒素代謝関連酵素群に着目して解析している。その結果、氷河カワゲラ腸内細菌群集が、餌である藻類などの多糖分解と、異化的硝酸還元などの窒素代謝を行う可能性を示している。

最後に、結論として、氷河無脊椎動物は周辺氷河とは異なる独特な共生細菌叢を保有し、それは動物の組織や腸内に特有な細菌系統群と、雪氷環境由来の細菌系統群の両方で構成され、後者の一部も共生細菌として何らかの役割を果たす可能性があることを示唆している。

以上を要するに、本論文は、氷河無脊椎動物の共生細菌叢の群集構造と機能を初めて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で作成してください。