

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)	要約
Type(English)	Outline

生物の進化は基本的に遺伝情報の時系列変化に由来する。生物を構成する遺伝情報の総体をゲノムと呼ぶが、ゲノムの進化がどのように駆動されるのかを理解することは生物学における最も重要な課題の1つである。ゲノム進化において、特に極端な例は細菌の内部共生に見られる。細菌は、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。しかしながら、先行研究における方法的な問題点や対象とする生物種の偏りから、諸仮説について包括的に検証されたとは言い難い。具体的には、先行研究における対象宿主がカメムシ目の昆虫に偏っており、検証する駆動原理についても遺伝的浮動の効果に偏向している。そこで本研究では、1)カメムシ目以外の共生系における共生細菌の縮小ゲノム進化の傾向を調査することで、共生細菌ゲノム進化の傾向の一般性について検証し、2)さらに現在利用可能なあらゆる分類群の共生系を用い、縮小ゲノム進化を駆動し得る諸要因がゲノム縮小に対して持つ説明率を比較することで、既存の諸仮説の有効性を検証した。

まず、研究対象の偏りによるリスクを緩和するため、ゴキブリ目昆虫の共生細菌である *Blattabacterium* について、その縮小ゲノム進化の傾向を調査した。この共生細菌は、現存するほぼすべてのゴキブリにおいて保有されているが、ゴキブリがシロアリへと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。この系統群の共生細菌について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おり、かつそれらの欠損が *Cryptocercus* 属と *M. darwiniensis* の間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が、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進化したことを示唆している。

次に、共生細菌の縮小ゲノム進化を説明する諸仮説について網羅的に検証するため、4つの細菌綱の共生細菌を含む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それぞれ推定し、細菌属間で比較した。その結果、共生細菌の縮小ゲノム進化の大部分は、突然変異の蓄積に最もよく説明されるが、状況に応じて、特定機能に対する選

拮抗の緩和や集団サイズの縮小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。