

論文 / 著書情報
Article / Book Information

題目(和文)	オニヒトデ属(Acanthaster spp.)の比較ゲノム解析
Title(English)	
著者(和文)	湯浅英知
Author(English)	Hideaki Yuasa
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12143号, 授与年月日:2021年12月31日, 学位の種別:課程博士, 審査員:伊藤 武彦,本郷 裕一,立花 和則,二階堂 雅人,山田 拓司
Citation(English)	Degree:Doctor (Science), Conferring organization: Tokyo Institute of Technology, Report number:甲第12143号, Conferred date:2021/12/31, 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

論文要旨

THESIS SUMMARY

系・コース： Department of, Graduate major in	生命理工 系 コース	申請学位 (専攻分野)： Academic Degree Requested	博士 (理学) Doctor of
学生氏名： Student's Name	湯淺 英知	指導教員 (主)： Academic Supervisor(main)	伊藤 武彦
		指導教員 (副)： Academic Supervisor(sub)	

要旨 (和文 2000 字程度)

Thesis Summary (approx.2000 Japanese Characters)

本論文は「オニヒトデ属 (*Acanthaster* spp.) の比較ゲノム解析」と題し、ハイスループット DNA シーケンサーを用いたオニヒトデ種間の比較ゲノム解析から現存するオニヒトデ種間のゲノムレベルでの差異とその種分化要因を解明することを目的として行われており、七章より構成されている。

第一章「序論」では、研究背景としてオニヒトデが生息するサンゴ礁海域の生物多様性、オニヒトデの分類はミトコンドリア遺伝子の部分配列だけでなく核遺伝子やゲノム配列に基づいて検証を行う必要があること、種分化要因に関して具体的な仮説検証がこれまでなされていないことを述べている。

第二章「サンプル情報」では、本論文で使用されたサンプル情報やデータ取得方法について述べている。

第三章「ゲノムアセンブル」では、太平洋種、北インド洋種、紅海種のオニヒトデ 3 種のゲノム配列のアセンブルについて述べている。3 種 23 個体のミトコンドリアの完全長ゲノム配列と 3 種 3 個体の核のドラフトゲノム配列の構築を行なっている。その中でも、北インド洋種と紅海種のミトコンドリアと核のゲノム配列が構築されたのは本論文が初めてであり、さらに太平洋種の核ゲノム配列についても先行研究で報告されたものよりも配列の統計値およびコア遺伝子による評価から高品質のドラフトゲノム配列を構築することに成功したと述べている。

第四章「ゲノムアノテーション」では、核ゲノム配列の遺伝子構造予測および遺伝子機能の推定について述べている。本論文では高い精度の遺伝子情報を解析に用いるために、遺伝子構造予測には著者を含めた所属研究室のメンバーで新規に共同開発した自動遺伝子構造予測パイプラインである LEMON が使用され、予測された遺伝子の統計値とコア遺伝子による評価から先行研究で報告されたものよりも高品質な遺伝子構造を本研究の 3 種 3 個体の核ドラフトゲノム配列上に予測することに成功したと述べている。

第五章「種間ゲノム比較」では、ミトコンドリア遺伝子の部分配列の違いが確認されていないオニヒトデ種間のミトコンドリア及び核のゲノムの違いの確認を行った結果について述べている。まず、オニヒトデ 3 種間でゲノム配列の類似度は核とミトコンドリアのゲノム配列でそれぞれ約 92%と約 98%であり、既知の別種間に相当する類似度であった事が述べられている。次に、系統解析結果からミトコンドリアのみならず核のゲノムにおいてもオニヒトデ 3 種間に明確な違いが存在することが確認されたが、太平洋種ではハワイ個体においてミトコンドリアから想定されるよりも大きな分化が核ゲノムに見られたことから亜種の可能性があるかと考察している。最後に、オニヒトデ 3 種間のゲノム配列の違いとして 3 種 23 個体のゲノムシーケンスリードを用いた 17-mer 頻度分析の結果から、太平洋種とインド洋側 2 種 (北インド洋種、紅海種) の間で重複配列領域に起因すると思われるゲノムサイズ差が存在することが示されたと述べている。

第六章「オニヒトデの種分化要因推定」では、第 5 章で示された種間の違いがどのように生み出されたのか、その種分化要因をゲノムから検証した結果について述べている。集団史推定の結果からオニヒトデ 3 種は 1 つの共通祖先集団から分化し、その分化は海水面が劇的に下降した 70-125 万年前の Mid-Pleistocene Transition の時期に起きたと推定されたことから、オニヒトデ 3 種の分化は海域間に干出した大陸棚による物理的な隔離によって異所的に引き起こされたことが強く示唆されたと考察している。また、種間で分化した領域の探索を行い、ゲノムスケールではゲノム全体で種間の分化が進んでいて極端に分化した特定の領域を見つけることができなかったものの、遺伝子スケールでは各種のゲノムから地域適応の痕跡や遺伝子領域上のゲノム構造変異が見つかり、オニヒトデ種間の違いに繋がる可能性のある特徴を抽出することに成功したと述べている。

第七章「結論」では、本論文のまとめとしてミトコンドリアのみならず核ゲノムにおいてもオニヒトデ種間に明確な違いが確認されたこと、太平洋内に亜種が存在する可能性を発見したこと、仮説に留まっていた異所的種分化を強く示唆する結果が得られたことを述べている。そして最後に、本論文の意義として太平洋種以外のオニヒトデ研究とオニヒトデ種間の研究の活性化が期待されること、ゲノムを用いたサンゴ礁生物近縁種間の研究のモデルケースとなることを論じている。

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：Thesis Summary should be submitted in either a copy of 2000 Japanese Characters and 300 Words (English) or 1 copy of 800 Words (English).

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。

Attention: Thesis Summary will be published on Tokyo Tech Research Repository Website (T2R2).

(博士課程)
Doctoral Program

論文要旨

THESIS SUMMARY

系・コース： Department of, Graduate major in	生命理工学 系 コース	申請学位(専攻分野)： Academic Degree Requested	博士 Doctor of (理学)
学生氏名： Student's Name	湯淺 英知	指導教員(主)： Academic Supervisor(main)	伊藤 武彦
		指導教員(副)： Academic Supervisor(sub)	

要旨 (英文 300 語程度)

Thesis Summary (approx.300 English Words)

The crown-of-thorns starfish (COTS) is a coral predator that is widely distributed in Indo-Pacific Oceans. A previous phylogenetic study using partial mitochondrial sequences suggested that COTS had diverged into four distinct species. However, the difference between species was not confirmed in the nuclear genome, and the COTS classification remained uncertain. In addition to that, the COTS speciation hasn't been verified definitely so far. To address these, COTS species nuclear genome sequences were analyzed here, sequencing Indian Ocean (NIO) and Red Sea (RS) species genomes for the first time, followed by a comparative analysis with the Pacific Ocean (PO) species. The sequence identities between the three COTS species were approximately 92% and 98% in the nuclear and mitochondrial genome sequences, respectively, which are comparable to differences between known species. Phylogenetic analysis and ADMIXTURE analysis also showed clear divergences between the three COTS species. Furthermore, within the PO species, the phylogenetic position of the Hawaiian sample was further away from the other Pacific-derived samples than expected based on the mitochondrial data, suggesting that it may be a PO subspecies, which was overlooked in the previous phylogenetic study between COTS species. The pairwise sequentially Markovian coalescent (PSMC) model showed that the trajectories of the population size diverged by region during the Mid-Pleistocene transition when the sea level was dramatically decreased, strongly suggesting that the three COTS species experienced allopatric speciation. Analysis of the orthologues indicated that there were remarkable genes with species-specific positive selection in the genomes of the PO and RS species, which suggested that there may be local adaptations in the COTS species. The genomic structural changes that seem to have occurred independently for each species were found in regions containing plexin family genes as clusters, which may be related to the difference between COTS species.

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：Thesis Summary should be submitted in either a copy of 2000 Japanese Characters and 300 Words (English) or 1 copy of 800 Words (English).

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。

Attention: Thesis Summary will be published on Tokyo Tech Research Repository Website (T2R2).