

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 徐 必守

シアノバクテリアは酸素発生型の光合成を行う、形態的に多様性に富んだバクテリアであるが、現在、形態に基づき、シアノバクテリアは5つのサブセクション (I~V) に分類されている。現在、形態的特徴に基づくシアノバクテリアの分類は真の系統関係を反映したものではなく、まだ混沌とした状態にある。本研究では、16S rRNA 遺伝子の塩基配列の解析と共に、DNA gyrase の subunit B protein (DNA topoisomerase type II) (*gyrB*) 遺伝子、DNA-dependent RNA polymerase の γ subunit (*rpoC1*) 遺伝子と DNA-dependent RNA polymerase の主要 σ factor (*rpoD1*) ホモログの各遺伝子塩基配列を用いて系統解析を行い、シアノバクテリアの系統関係と進化について考察した。

第1章では本研究の背景について述べている。第2章では使用したシアノバクテリア株とその培養方法について述べた。

第3章では 16S rRNA 遺伝子塩基配列に基づく系統解析の結果について述べた。近隣結合法 (NJ), 最尤法 (ML), と最大節約法 (MP) で作成された系統樹はシアノバクテリアのサブセクション V の全メンバーが単系統であることを示している。サブセクション IV に属する *Scytonema* 属のクラスターは IV と V のクラスターの外側に位置した。これまでサブセクション I, II, III のシアノバクテリアは多系統であり、異質細胞を形成するサブセクション IV と V は単一系統と考えられていたが、本研究の結果からサブセクション IV も多系統であることが判明した。

系統樹からは単細胞性シアノバクテリアのサブセクション I, II と糸状性シアノバクテリアのサブセクション III は近縁であることより、単細胞性シアノバクテリアから糸状性へ、あるいは糸状性シアノバクテリアから単細胞性への形態的な変化が起きたものと推定された。また、サブセクション I では系統的に異なる菌種 *Gloeobacter* はシアノバクテリアの進化において最も早く祖先型から分岐したものと見られる。シアノバクテリアとクロロプラストとの系統関係については論争中であるが、系統樹からはクロロプラストは後から現れた菌種に由来するものと推定された。

第4章では *gyrB*, *rpoC1* と *rpoD1* 遺伝子に基づく系統解析について述べた。 *gyrB* と *rpoD1*

に基づいて作成した系統樹では、サブセクション IV と V の菌株は単系統であることを示した。興味深いことに、*Chroococciopsis* sp. PCC 7431 を含むサブセクション II と III のメンバーは IV と V より早く分岐した。サブセクション I, II と III は多系性を示した。これらの遺伝子に基づいた系統樹からは、シアノバクテリアがクロロプラストより先の分岐したという証拠は見られず、16S rDNA 塩基配列解析に基づいた結果とは異なっている。

第5章では 16S rRNA, *gyrB*, *rpoC1* と *rpoD1* の DNA 塩基配列の相同性比較について述べ、第6章では *gyrB*, *rpoC1* と *rpoD1* のアミノ酸配列の相同性比較について述べた。*gyrB*, *rpoC1* と *rpoD1* の DNA 塩基配列とアミノ酸配列の相同性は異なる相同性値を示した。また、アミノ酸配列の相同性は DNA 塩基配列よりも保存性が高かった。各タンパクをコードする遺伝子配列を比較したところ、*rpoD1* の DNA 塩基配列とアミノ酸配列の保存性が三つの遺伝子の中で最も高かった。

第7章は考察である。本研究の結果からシアノバクテリアの進化のパターンについて考察した。シアノバクテリアの進化は、シアノバクテリアの先祖からサブセクション I と III への分岐が起こり、その後 I と III の一部のメンバーから系統的に異なるサブセクション I, II と III への進化が起こったと考えられる。サブセクション IV と V は比較的最近分岐したもののと思われる。シアノバクテリアの各サブセクションは形態的特徴によって分けられているが、分子系統に基づいた系統体系とは一致しないことより、形態的特徴はシアノバクテリアの真の系統関係を反映していないものと考えられる。このように、16S rRNA, *gyrB*, *rpoC1* と *rpoD1* 遺伝子の異なる解析能はシアノバクテリアの系統解析のよい道具となることを示した。

以上、本論文は多相分類学の方法により酵母時代を有する担子菌類の系統関係を明らかにしたもので、学術上、応用上、貢献するところが少なくない。よって審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。