

審 査 の 結 果 の 要 旨

氏 名 松 崎 素 道

本研究は、アピコンプレクサ類原虫に導入された植物由来の機能を担う遺伝子を網羅的に把握するため、まず原始的な紅藻のゲノムを解読し、続いて紅藻と緑色植物とアピコンプレクサ類との比較ゲノム解析を試みたものであり、以下にあげる結果を得ている。

1. 単細胞紅藻 *Cyanidioschyzon merolae* (以下シゾン) のゲノムプロジェクトにおいて、インサート長が均質な BAC ライブラリの末端シーケンスデータの解析と複数のアセンブル結果の照合により、ショットガンシーケンスの結果得られた仮想的な DNA 配列の染色体上での位置と向きを決定し、最終的に約 16.5Mbp の全塩基配列を得た。また完全長 cDNA ライブラリの末端シーケンスデータを解析して転写領域を検出し、さらに他生物の遺伝子との配列類似性などを組み合わせて合計 5,331 個の遺伝子を推定した。
2. シゾンの遺伝子の特徴として、染色体の末端部位で比較的頻繁に重複していることを明らかにした。またタンパク質遺伝子の大部分がイントロンを欠いており、ゲノム全体でイントロンはわずか 27 箇所であることを示した。一部の tRNA 遺伝子が D-loop 領域にイントロンと考えられる挿入配列を持っており、また核ゲノム中に見つかる唯一のイソロイシン tRNA が原核生物特異的な GAU アンチコドンを持っていたことから、シゾンの tRNA 遺伝子が真核生物以前の古い特徴を残している可能性が示唆された。
3. 明らかに緑色植物の遺伝子に類似している遺伝子が 551 あるのに対し、ほぼ同数の 537 の遺伝子が明らかに動物・真菌類の遺伝子に類似であることが示された。また含硫アミノ酸の代謝系において動物・植物双方の系が共存しており、かつ植物と共通する系の 2 酵素のうち一方は植物と異なる起源を持っていた。以上の結果から、緑色植物と紅藻との間には大きな差異があることが示唆された。

4. アピコプラストの機能として提唱されているイソプレノイド合成系、脂肪酸合成系、ヘム合成系の酵素の遺伝子それぞれについての系統解析により、熱帯熱マラリア原虫のイソプレノイド合成系酵素の遺伝子 *ispG* および脂肪酸合成系酵素の遺伝子 *fabI* は明らかに紅藻ではなく緑色植物に由来することが示された。一方で脂肪酸合成系酵素の遺伝子 *fabZ* は紅藻由来と推定されることから、アピコプラスト機能に関与する遺伝子の由来として少なくとも紅藻と緑色植物の両方ともが考えられることが示された。
5. 熱帯熱マラリア原虫の全推定遺伝子のうち、他の真核生物になく緑色植物または紅藻とのみ共通するものが植物由来の機能を担っていると考えられるが、そのような遺伝子は計 246 遺伝子あり、そのうち 137 遺伝子は今回紅藻のゲノムを解読したことで初めて認識できたものであった。246 遺伝子のおよそ半数は機能を推定できず、アピコンプレクサ類原虫における未知の植物由来機能の存在が示唆された。

以上、本論文は、紅藻のゲノム情報を明らかにし、またそれによって初めて認識されたアピコンプレクサ原虫類の植物由来機能遺伝子を多数明らかにした。今後これらの遺伝子について解析を進めることで植物がアピコンプレクサ原虫類にもたらした機能の解明に貢献すると考えられ、本研究は学位の授与に値するものと考えられる。