

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 佐藤 崇

真核生物の重要な細胞内器官であるミトコンドリアには核とは別の独自のゲノムがある。このミトコンドリア (mt) ゲノムの構造的特徴や個々の遺伝子の進化特性については、まだよく分かっていない点も多い。本論文は、系統進化学的研究の進展が著しい魚類を対象に選び、そうした研究の結果、得られている信頼性の高い系統樹を土台に、mt ゲノムの構造や種々の遺伝子の特性を系統進化学的視点から明らかにすることを目的におこなわれた研究結果をとりまとめたものである。

本論文は5章からなる。まず第1章で研究の背景と課題・目的を述べたあと、第2章で魚類のミトコンドリアゲノムの構造を詳細に分析している。魚類全体を幅広く網羅した250種のミトコンドリアゲノム全塩基配列データを用い、各遺伝子の特徴を詳細に記載している。タンパク質遺伝子については、塩基とアミノ酸レベルそれぞれの変異パターンについて、比較・分析されている。tRNA 遺伝子および rRNA 遺伝子については、配列を各遺伝子のステムおよびループ領域ごとに整列し、それぞれの変異パターン、さらに各ステムを構成する塩基結合の種類や頻度について検討し、魚類の RNA 遺伝子の二次構造モデルを提案している。

第3章では、魚類のミトコンドリアゲノムの遺伝子配置変動が分析されている。250種の魚類の中から、規模はさまざまな32例の遺伝子配置変動が見出された。これらの遺伝子配置変動は科もしくは属レベルで共有されるものがほとんどで、それよりも上位の分類群に共有されるものはないことが明らかになった。遺伝子配置変動はいずれも系統樹の枝の先に近いところに位置することから、現在、見出される配置変動は、魚類の進化史上比較的最近に生じた現象であると推察している。また、遺伝子配置変動が起こった系統では、塩基置換速度が速いことが示唆されたことから、魚類の中で配置変動を有するグループに対して塩基置換に関する相対速度テストを行い、配置変動と塩基配列進化速度の間の相互関係を検討している。その結果、遺伝子配置変動が生じたグループでは塩基置換速度が上昇していることを明らかにした。

ミトコンドリアゲノムでは、各タンパク質や rRNA 遺伝子の境界に位置する tRNA 遺伝子を目印とし、初期転写産物からそれぞれの mRNA へと切断される。第3章の後半では、魚類において、目印となるはずの tRNA 遺伝子の変動している25例について、塩基配列を比較・検討している。その結果、すべての事例で偽遺伝子化した tRNA 遺伝子が二次構造の一部を元の位置に残したまま保存されていた。このことより、遺伝子配置変動によって tRNA 遺伝子が元の位置から移動した後も、最低限のステム・ループ構造が遺伝子切り出し機能を果たすために残されている可能性を指摘している。

第4章では、科内に複数の遺伝子配置変動が見出されたソコダラ科魚類を対象に、遺伝

子配置変動が科内でどのように共有されるのか、また高次系統関係を示すマーカーになるのかどうかを検討している。ソコダラ亜科のクレードを形成したムグラヒゲとサガミソコダラは、同じ遺伝子配置を共有していた。さらに、別亜科に属していながら 1 つのクレードを形成したバケダラとキタノイッカクダラも特異な遺伝子配置を共有していることが明らかになった。これらの遺伝子配置共有は、塩基配列から推定された系統樹のトポロジーと整合することから、有用な系統マーカー（共有派生形質）になるとしている。

第 5 章では、ミトコンドリアゲノムの全体に及ぶ大規模な変動が生じ、しかも目内に複数の遺伝子配置が認められたガマアンコウ目魚類に着目し、それらの大規模な変異がどのように進化してきたかを検討している。分析の結果、目内には 3 種類の遺伝子配置が存在し、それらは形態に基づく分類の枠を越えて、アメリカ大陸に分布するタイプとアジア周辺に分布するタイプの大きく 2 つに分けられた。この結果は塩基配列を用いた系統解析結果からも支持された。これらのことから、ガマアンコウ目の共通祖先で変動が生じ、その後アメリカとアジアにそれぞれ分布を広げる際に別々の遺伝子配置へと固定された可能性を論じている。

以上のように、本論文は魚類ミトコンドリアゲノムの構造的特性を、初めて詳細に明らかにしたものである。また、遺伝子配置変動のパターンも系統的に詳しく分析し、魚類、ひいては脊椎動物のミトコンドリアゲノム構造の進化を理解する上で、重要な貢献をしている。なお、本論文の第 2 章から第 5 章は、西田睦、宮正樹らとの共同研究であるが、論文提出者が主体となって分析および考察をおこなったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

よって、審査委員一同は博士（農学）の学位を授与できると認める。