

論文内容要旨（和文）

平成20年度入学 大学院博士後期課程

地球共生圏科学専攻 生物学 分野

氏 名 KHIN MYAT SOE



論文題目 Study on the Morphology and Molecular Phylogeny of the Thermophilic Cyanobacterium, *Mastigocladus laminosus*, inhabiting Hot Springs of Japan and Myanmar.

(日本及びミャンマーの温泉に生育する好高温性シアノバクテリア

Mastigocladus laminosus の形態学的・分子系統学的研究)

原核生物の一群であるシアノバクテリアは、地球上の様々な環境に普遍的に生育し、光合成によって現在の好気的環境を創り出した重要な生物群である。一般の光合成生物が生育しない特殊な環境に生育する種類も多く、特に温泉地などの高温環境に適応したシアノバクテリアは、特殊な生理的・分子生物学的メカニズムを持っており、生物学的に特に興味深い一群である。

本研究では、まず高温環境に生育するシアノバクテリアに関する基礎的な情報を集積する目的で、日本およびミャンマーの合計34カ所のアルカリ性温泉に生育するシアノバクテリア相の調査を行ない、その結果22属75種のシアノバクテリアを得た。その中で最も普遍的に発見された種の1つが、高温環境に生育する代表的なシアノバクテリアの一種で、世界的に広く分布する *Mastigocladus laminosus* であった。そこで本研究ではさらに、アジア地域における本種の形態的・分子遺伝学的特性を明らかにするために、日本およびミャンマーから収集した試料から単離株を作成し、外部形態学的な特徴および16SrRNA遺伝子と複数のタンパク質遺伝子を用いた分子系統解析を行った。

同一条件下で培養した単離株に基づいて形態的な特徴を調査した結果、分枝様式、異質細胞の有無などは各単離株間で大きな差がなく、これまでの *M. laminosus* の形態的特徴の範囲を超えるものではなかった。一方、変異幅は大きく重複するものの、細胞のサイズには大きく2つのタイプが存在し、日本産の1株を除いて日本とミャンマーの単離株間で細胞サイズが異なる傾向があることが明らかとなった。比較的単純な形態的特徴を示すシアノバクテリアであっても、量的形質の解析を行うことで、異なる地域間での形態的差異を見いだすことが可能であることが示された。

日本およびミャンマーに分布する *M. laminosus* は、16SrRNA遺伝子の塩基配列に基づく分子系統解析の結果から大きく2つの系統群に分割され、大まかに地域ごとに別系統となることが明らかとなった。ただし日本産の1株（宮城県作並温泉の系統）はミャンマーの単離株と単系統群を構成することが明らかとなった。この株は上記の形態解析から他の日本産の単離株と異なりミャンマーの単離株に近い細胞サイズを示していたことから、アジア地域には少なくとも2つの形態的・遺伝的に異なるグループが存在していることが明らかとなった。主にミャンマーの単離株で構成される系統群は、これまで調べられている世界各地の *M. laminosus* のいずれとも異なる新規の系統群であり、本種はアジア地域で独自の進化を遂げていることを示唆してい

(10pt 2,000字程度 2頁以内)

氏 名 KHIN MYAT SOE



る。

16SrRNA遺伝子の解析結果と比較する目的で、シアノバクテリアの窒素固定能に関連する遺伝子（硝酸還元酵素 *nirA*, DNA結合タンパクの一種 *ntcA*, 転写調節因子の一種 *devH*）の塩基配列を決定して系統解析を行った。これらの遺伝子では、単離株間の遺伝的な分化に乏しいものの、系統群の分割に関しては16SrRNA遺伝子の結果と矛盾しなかった。

本研究は、世界でも有数の火山地帯であるにも関わらず研究が遅れていた環太平洋アジア地域の *M. laminosus* を用いて、形態的・分子生物学的情報を集積した最も包括的な研究であり、世界的にもアメリカ合衆国の系統に関する研究に次いで多面的な解析を行ったものである。本研究の結果から、アジア地域は本種の多様性と進化を解明する上で重要な位置にあることが示された。さらに日本にはアジア地域に分布する主要な2系統群のいずれもが分布することが明らかとなり、地理的隔離による地域間の遺伝的分化と、その後の長距離散布によって現在の *M. laminosus* の世界的な分布が形成されてきたことが示唆される。

論文内容要旨 (英文)

平成20年度入学 大学院博士後期課程

地球共生圏科学専攻 生物学 分野

氏 名 KHIN MYAT SOE



論文題目 Study on the Morphology and Molecular Phylogeny of the Thermophilic Cyanobacterium, *Mastigocladus laminosus*, inhabiting Hot Springs of Japan and Myanmar. (日本及びミャンマーの温泉に生育する好高温性シアノバクテリア *Mastigocladus laminosus* の形態学的・分子系統学的研究)

Morphological and phylogenetic analyses of the thermophilic cyanobacterium, *Mastigocladus laminosus* Cohn, were conducted to characterize 13 strains isolated from hot springs in Japan and Myanmar from the viewpoint of taxonomy and biogeography. Ten strains were isolated from Japan and three from Myanmar. These strains were morphologically separated into two groups, Groups A and B, on the basis of their cell size; the latter group has generally larger cell sizes than the former. Other morphological characteristics, such as the branching types, intercalary heterocysts and the formation of hormogonia, were shared in the studied strains.

Phylogenetic analyses were conducted, based on 16S rRNA gene sequences and alternative gene sequences of *nirA*, *ntcA* and *devH*, to uncover the divergent histories of *M. laminosus* in East and Southeast Asia. From the result of the analysis of 16s rRNA gene sequences, the studied strains were separated into two lineages, Lineages I and II. The former consisted of Japanese strains identified in both previous and present studies. The latter was quite a novel lineage, which consisted of one Japanese and three Myanmar strains tested in this study. Moreover, this lineage was related to New Zealand strains as a sister clade.

(12ptシングルスペース 300語程度)



In the analyses of *nirA*, *ntcA* and *devH* gene sequences, the results based on all genes tested in this study revealed the existence of two lineages, Lineages I and II, in agreement with the result of the analysis of 16S rRNA gene sequences.

The existence of the novel lineage, Lineage II, identified by the genetic analyses in this study was strongly supported by the entire genetic data. Moreover, morphological groups and phylogenetic lineages were highly corresponded with each other. Thus, Asian region provides large morphological and genetic diversity in thermophilic cyanobacteria and is considered to be one of the most important regions for the evolution and biogeography of *M. laminosus*.