

論文審査の結果の要旨

専攻名 システム創成工学専攻

氏名 櫻岡 良平

本論文は、「比較ゲノム解析に基づく細菌の抗菌物質生産機構の多様性に関する研究」と題し、抗菌物質生合成能を有する細菌を対象として、次世代シーケンサーを用いて各種細菌の全ゲノム配列を決定し、それを用いた比較ゲノム解析により、細菌の抗菌物質生合成遺伝子の菌株間での分布や、遺伝子発現制御機構の多様性について論じている。

多くの細菌は、他の微生物の生育や増殖に対して阻害効果を示す抗菌物質を生産する。その一方で、これらの細菌は実験室レベルでは安定した抗菌物質生産を示すものの、実際の環境中では期待される病原菌の防除効果が得られない問題点が指摘されている。そのため、個々の細菌における抗菌物質生産制御機構をゲノムレベルで解析することは、抗菌物質生産の安定化と病原菌防除効果の向上に寄与すると考えられる。近年、遺伝子解析技術の発展に伴い、異なる菌株間のゲノム配列を比較することで、生物的功能の相違を明らかにする比較ゲノム解析が広く行われるようになってきた。本論文は、比較ゲノム解析により細菌の抗菌物質生合成遺伝子とその発現制御機構の多様性を明らかにすることで、抗菌物質を用いた微生物制御技術の開発に向けた基礎的知見を得ることを目的としたものである。

本論文により得られた主な研究成果を以下に要約する。

① *Serratia marcescens*は、赤色を呈する抗菌物質であるプロディジオシンを生産するが、このプロディジオシン生産は、シグナル物質としてアシル化ホモセリンラクトン (AHL) を用いた Quorum Sensing (QS) 機構に制御されることが古くから知られている。本研究では、土壌から単離した *S. marcescens* AS-1株を含む、全35菌株の *S. marcescens* のゲノム配列を用いて比較ゲノム解析を行ったところ、AHL合成遺伝子とAHLレセプター遺伝子の塩基配列は様々なパターンに分類できることが明らかになった。興味深いことに、AS-1株のみがAHL合成遺伝子を内在性プラスミド上に有しており、その周囲にはトランスポゾン様配列が存在していたことから、AS-1株は、トランスポゾン転移によりプラスミド上にQS制御遺伝子を獲得したことで、プロディジオシン生産がQSの制御下に変化した可能性を指摘している。これらの成果は、抗菌物質生産制御機構が進化の過程でQS機構の制御下になるという新しい知見を示すものであり、学術的価値の高い成果であると評価できる。

② 蛍光性 *Pseudomonas* 属細菌は、多種多様な抗菌物質を生産し、高い植物保護効果を有することで知られている。先行研究では、日本各地から採取した植物の根から単離し、抗菌物質生合成遺伝子を有する蛍光性 *Pseudomonas* 属細菌が、10種類の操作的分類単位 (OTU) に分類できることが明らかになっている。本研究では、10種類のOTUの代表株の全ゲノム配列を決定し、比較ゲノム解析を行ったところ、高い植物保護効果を示すOTUに属する菌株は、共通してピロールニトリ

ン（PRN）生合成遺伝子クラスターをゲノム上に保有していたことから、植物保護効果には、様々な抗菌物質の中でも特にPRNの生産が重要であると結論付けている。これらの成果は、高い植物保護効果を有する菌株を選抜するための有効な指標となり得ることから、今後の微生物農薬の開発に貢献できる成果であると評価できる。

本論文については、令和4年2月10日に本学陽東キャンパス総合研究棟222教室において、審査委員全員と関連分野の研究者が出席して公聴会が開催され、研究成果の発表と質疑応答が行われた。公聴会終了後、直ちに学位審査委員会を開催し、本論文の内容について詳細に検討した。その結果、本研究により細菌の抗菌物質生産機構の多様性に関する新たな知見が得られたことを認め、本研究分野の今後の発展に寄与する優れた研究成果であると判断した。

よって本論文は、博士（工学）の学位論文に値するものと認める。