

(続紙 1)

京都大学	博 士（理 学）	氏名	Qingwei Yang
論文題目	Multi-omics insight into the function of protists on the biological carbon pump (生物炭素ポンプにおける原生生物の機能の解明)		
(論文内容の要旨)			
The biological carbon pump is a key climate regulator that facilitates the transfer of organic carbon from surface waters to the deep ocean. While bacterial contributions to this process have been extensively studied, the roles of protists (single-celled microeukaryotes) remain insufficiently understood. Protists (unicellular eukaryotes) function as primary producers, grazers, and decomposers, and thus expected to play various roles in particle formation, sinking, and organic matter degradation. Yet, their specific functions within particle-associated microbial communities have been underexplored, largely due to limited molecular resolution and gaps in reference databases. This dissertation addresses this knowledge gap by employing a multi-omics approach—combining 18S rRNA gene metabarcoding and metatranscriptomic analysis—to investigate suspended and sinking particles collected by an instrument named marine snow catcher across multiple depths in the highly productive Oyashio region during the spring bloom. After the introduction of the background of the study in Chapter 1, two main works are presented in Chapter 2 and 3. In Chapter 2, the author revealed that sinking particles harbored distinct and less diverse protistan assemblages compared to suspended particles using metabarcoding data. The community structure shifted with depth, suggesting progressive disaggregation and decomposition of sinking particles during sedimentation. Prymnesiophytes and most diatoms showed a marked decline in sinking particles with increasing depth, while Dinophyceae remained relatively persistent. In contrast, heterotrophic protists such as Spirotrichea (ciliates) and heterotrophic dinoflagellates were selectively enriched in sinking particles. The increasing abundance of these heterotrophs from surface to mesopelagic layers indicates their active involvement in transforming sinking aggregates. After identifying the compositional differences of protistan communities, it remained unclear which cells were metabolically active and what roles they played in situ, particularly in the export and degradation of organic carbon. Therefore, in Chapter 3, the author employed metatranscriptomic analysis to uncover taxon-specific metabolic reprogramming and activity patterns. Suspended particles were characterized by up-regulated transcripts from diatoms, haptophytes, and chlorophytes, whereas sinking particles were enriched in transcripts from diatoms, ciliates, and dinoflagellates. Species-level analysis indicated that small centric diatoms (<i>Minidiscus variabilis</i>, <i>Thalassiosira oceanica</i>) were more transcriptionally active in suspended particles, while the chain-forming centric diatom <i>Thalassiosira rotula</i> dominated in sinking particles. Notably, elevated expression of genes associated with phagosomes, endocytosis, and carbohydrate metabolism in <i>Karlodinium veneficum</i> and <i>Karenia brevis</i> highlighted the active involvement of heterotrophic protists in degrading organic carbon within sinking aggregates. Furthermore, a positive correlation between RNA virus activity and carbon flux suggests that RNA viral infections contribute to enhanced particle aggregation and vertical export in the Oyashio region. In Chapter 4, the authors discuss the conclusions of this study, the limitations and future perspectives. In summary, this dissertation identifies diatoms as principal exporters of fresh organic carbon, and ciliates, heterotrophic dinoflagellates as important agents driving its degradation during sinking, refining the understanding of protistan regulation of carbon export efficiency in the Oyashio region.			

(論文審査の結果の要旨)

生物炭素ポンプは、表層水から深海への有機炭素の移動を促進する重要な気候調節機構である。原生生物（単細胞真核生物）は、表層から深海へ輸送される沈降粒子の主要な構成要素であるが、沈降粒子の形成・輸送・分解における各種生物群の寄与は未解明の部分が多い。本論文の著者は、春季ブルーム期の親潮域という高生産性海域においてマリンスノーキャッチャーで採取した試料を利用し、18S rRNA遺伝子メタバーコード解析とメタトランスクリプトーム解析を統合し、懸濁粒子と沈降粒子の間での原生生物群集組成と代謝活性を表層から深層にかけて比較解析を実施した。第1章で研究の背景が述べられた後、主要な研究成果が第2章と第3章において詳述されている。

第2章では、メタバーコード解析により、沈降粒子には懸濁粒子とは異なり、かつ多様性の低い原生生物群集が存在することを明らかにした。群集構造は深度とともに変化し、沈降過程における粒子の段階的な分解と崩壊が示唆された。ハプト藻類や多くの珪藻は、沈降粒子中で深度の増加に伴い顕著に減少したのに対し、渦鞭毛藻綱（Dinophyceae）は比較的安定して検出された。一方、繊毛虫類（Spirotrichea）や従属栄養性渦鞭毛藻といった従属栄養原生生物は、沈降粒子中で選択的に深度と共に増加した。これら従属栄養生物の表層から中深層にかけての増加は、沈降凝集体の変換に積極的に関与していることを示している。

上述の研究から沈降粒子と懸濁粒子間の原生生物群集の組成差は明らかになったが、どの生物が実際に代謝活性を持ち、炭素の輸送や分解にいかに関与しているかは不明であった。そこで第3章では、メタトランスクリプトーム解析を用いて、分類群特異的な代謝リプログラミングと活性パターンを追求した。懸濁粒子では、珪藻・ハプト藻・緑藻由来の転写産物が上方制御されていたのに対し、懸濁粒子では珪藻・繊毛虫・渦鞭毛藻由来の転写産物が多く検出された。種レベルでの解析では、小型中心珪藻 *Minidiscus variabilis* や *Thalassiosira oceanica* が懸濁粒子でより転写的に活性であった一方、長い鎖状群体を形成する中心珪藻である *Thalassiosira rotula* が沈降粒子で優占していた。特に、*Karlodinium veneficum* や *Karenia brevis* といった渦鞭毛藻においてファゴソーム、エンドサイトーシス、炭水化物代謝関連遺伝子の発現が高まっていたことは、従属栄養性原生生物が沈降凝集体内の有機炭素分解に積極的に関与していることを示唆している。さらに、RNAウイルス活性と炭素フラックスの間に正の相関が見られ、RNAウイルス感染が粒子凝集と垂直輸送を促進する可能性が示唆された。

以上の研究において、著者は実験によるオミクスデータの生成と高度なバイオインフォマティクス解析を実施している。得られた成果は、親潮域における炭素鉛直輸送の原生生物による制御に関する理解を大きく進展するものである。よって、本論文は博士（理学）の学位論文として価値あるものと認める。また、令和7年9月18日、論文内容とそれに関連した事項について試問を行った結果、合格と認めた。