




学位論文審査結果の要旨	
学位申請者 氏名	千秋 祐也 連研862
審査委員	主査 鹿児島大学 教授 岩井 久
	副査 鹿児島大学 教授 津田 勝男
	副査 佐賀大学 教授 大島 一里 
	副査 佐賀大学 准教授 草場 基章 
	副査 鹿児島大学 准教授 中村 正幸 
審査協力者	印
題目	<p>亜熱帯果樹のウイルスについての集団遺伝学的研究 (Study of the population genetics on the subtropical fruit viruses)</p>
<p>植物ウイルスにおける集団遺伝学的解析は、ウイルスの進化や、植物とウイルスの相互作用を解明するための重要な知見である。</p> <p>本研究では、代表的な亜熱帯果樹であるバナナとパッションフルーツのそれぞれにおいて、近年、東南アジア諸国で問題となっている <i>Banana bunchy top virus</i> (BBTV) と日本の奄美大島で発生している <i>East Asian Passiflora virus</i> (EAPV) について、ウイルス集団の遺伝構造と多様性について解析した。</p> <p>まず、これまで知見が無かったスマトラ島のBBTVについて調査した。全島より集めたBBTVの61分離株のDNA-RとDNA-S、その内の37分離株についてはDNA-U3について、塩基配列を決定した。それぞれの分節ゲノムにおける相同性は、どのコンポーネントも、バナナの品種や採取された地域に関係なく高かった。系統学的解析の結果、スマトラ集団はAsian groupに属していること、他地域集団に比べて多様性が低いこと、ならびに遺伝子の組み換えは起きていないことが示された。また、選択圧解析の結果、スマトラ集団は負の選択圧を受けていることが示された。また、食用バナナは3倍体が多いが、このうちの、AAおよびAAAゲノムの品種が感</p>	

染しているウイルスに比べ、AABおよびABBゲノムの品種が感染しているウイルスの方が、多様性が高く、負の選択圧の程度も弱いことが示された。また、中立平衡解析を行ったところ、西スマトラ州の集団は、近年突発的に拡散したことが示唆された。

さらに、各国のBBTV集団の塩基配列を用いて、集団遺伝学的解析を行った。まず遺伝的多様性を調べたところ、中国、台湾およびベトナムの集団が、他地域の集団に比べ多様性が高いことが示された。また、選択圧解析の結果、すべての集団が負の選択圧を受けていたが、その程度は地域ごとに異なっていた。遺伝的分化と遺伝子流動の解析においては、Asian groupに属す集団は互いに交流が認められたが、South Pacific groupの集団間では交流が認められなかった。

次に、奄美大島のEAPVの2集団（住用集団および湯湾集団）について、遺伝構造と多様性を解析した。両地域よりEAPVが感染したパッションフルーツ葉を採取し、RT-PCRで得た10分離株のEAPV-cDNAのポリプロテイン全領域と、5分離株のNIBならびにCP領域の塩基配列を決定した。これらの配列は、それぞれの集団内でも集団間でも相同性が高かった。しかし、住用集団は既報分離株と比べ、合計5ヶ所の塩基が一様に非同義置換を起こしていることが確認された。また奄美大島のEAPVも、組み換えは起こしていなかった。選択圧解析の結果、両集団は負の選択圧を受けていることが確認された。中立平衡解析の結果、湯湾集団ではサイズの増加が示唆されたが、住用集団のサイズは減少傾向もしくは平衡状態であることが示唆された。遺伝的分化と遺伝子流動を解析したところ、両集団は遺伝的に分化しており、互いに交流が無いことが示された。これらの結果より、EAPVの住用と湯湾の集団はそれぞれの地域で独立的に進化してきたことが示唆された。

以上のように、本研究は、亜熱帯果樹のウイルスであるBBTVとEAPVについて、それらの塩基配列情報を明らかにし、地理系統学および集団遺伝学の手法を用いて、それぞれのウイルス集団の遺伝構造を解析した。スマトラ島内のBBTVゲノムは今回初めて解析されたものであり、さらにスマトラ島を含む既報の全てのBBTVのゲノム構造を総合的に比較・解析したのも初めての試みである。またEAPVについては、先行研究よりも多くのウイルス株を供試したことにより、選択圧や遺伝子の流動性をより正確に捉えることができた。本研究の成果は、今後BBTVやEAPVの効果的防除法確立の基礎となり、植物防疫上の応用面における貢献が極めて高いものと評価される。よって、本論文は、博士（農学）の授与に十分な価値があるものと判定した。