

最終試験結果の要旨	
学位申請者 氏名	八坂 亮祐
審査委員	主査 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 教授 岩井 久
	副査 琉球大学 教授 田場 聡
	副査 佐賀大学 准教授 徳田 誠
審査協力者	印
実施年月日	平成 28 年 12 月 26 日
試験方法 (該当のものを○で囲むこと。) <input checked="" type="radio"/> 口答 <input type="radio"/> 筆答	
<p>主査および副査は、平成 28 年 12 月 26 日の公開審査会において学位申請者に対して、学位申請論文の内容について説明を求め、関連事項について試問を行った。具体的には別紙のような質疑応答がなされ、いずれも満足できる回答を得ることができた。</p> <p>以上の結果から、審査委員会は申請者が博士（農学）の学位を受けるに必要な十分の学力ならびに識見を有すると認めた。</p>	

学位申請者  
氏 名

八坂 亮祐

[質問1]

ホストスイッチングは今回のBEASTで解析できるか？

[回答1]

分子系統樹上でウイルスを分離した宿主によって明確に系統グループが別れていれば可能である。本研究で扱った2種ウイルスの場合、分離した宿主ごとに明確には系統グループが分かれていないので難しいと思われる。

[質問2]

観賞用植物に感染していたTuMVがオーストラリアおよびニュージーランドに拡散したということであったが、両国においては観賞用植物からTuMVを分離したのか？

[回答2]

オーストラリアおよびニュージーランドのTuMV分離株は野生あるいは栽培アブラナ科植物から分離した。ヨーロッパ分離株と同様の観賞用植物からTuMVを採集できれば、より詳細な解析ができると思う。

[質問3]

今回のウイルスゲノムを用いた時間解析では同義あるいは非同義置換サイトを用いて解析を行っているか？

[回答3]

全塩基配列を用いて解析を行っている。同義置換サイトを用いれば様々な選択圧を除外できてより正確な時間解析ができると思われるので、今後検討していきたい。

[質問4]

解析に用いる遺伝子の違いによって解析結果は変わってくるか？

[回答4]

本研究では用いる遺伝子によって時間尺度の解析結果は大きく違ってはいない。ただ病原性に関わる遺伝子は進化速度が大きな傾向があった。

[質問5]

時間解析に用いるモデルによってTMRCAは違うのか？

[回答5]

解析モデルによって結果は大きく異なる場合が多い。本研究ではベイズ因子で支持されたモデルを採用している。

[質問6]

CaMVの拡散解析の結果では日本からアメリカへと拡散しているが、拡散距離が長いのはなぜか？

[回答6]

実際に日本からアメリカへと拡散した可能性もあるが、より多くの国・地域からウイルス分離株を採集して解析に用いれば、それら地域を経由して拡散した可能性も考えられるかもしれない。

[質問7]

TuMVのオーストラリアおよびニュージーランド集団はイギリスやドイツから拡散した後、どのように形成されたと考えるのが妥当か？

[回答7]

分子系統樹から両国へのTuMVの侵入は複数回あったと思われるが、両国の分離株ゲノムの限定された遺伝的多様性や組換え型から考えて、ボトルネックあるいは創始者効果によって集団が選抜された後に両国中に広がったと思われる。

[質問8]

本研究で得られた知見は防除等の応用研究にはどのように発展していくのか？

[回答8]

インフルエンザウイルスではゲノム情報を利用し、将来出現・流行する系統予測の研究が進んでいる。本研究の知見は植物ウイルスの発生予察の研究に繋がる研究であると思う。また抵抗性品種の育成に関しても多く貢献できると思われる。

[質問9]

CaMVのシーケンスシグナルが重複していた遺伝子領域があったが、それはなぜか？

[回答9]

CaMVを接種したカブの接種葉には退緑斑点が生じるが、後にそれはモザイク症状へと変化していく。そのため過敏感反応死による細胞内へのウイルス粒子の封じ込みが不完全であり、単一病斑分離後のサンプルも複数の準種が混在した状態であったのではないかと思われる。

[質問10]

ウイルスの他国への侵入回数は解析で推定できるか？

[回答10]

分子系統樹から最低何回当該国に侵入したかについては推定できる。しかし、侵入しても定着しなかった集団や絶滅した集団、また存在はするが採集できていない集団などがあり、実際の侵入回数を正確に推定するのは難しいと思われる。

[質問11]

アブラナ科に感染するTuMVのゲノム型グループは全て単一の起源に由来するのか？

[回答11]

最尤法およびベイズ法による分子系統樹から推察すると、アブラナ科に感染するゲノム型グループのTuMVはOrchis ゲノム型グループのTuMVと分岐した後に共通祖先を持ったと思われる。従って単一の起源に由来するものと思われる。