

学位論文要旨	
氏名	ウィウイト プロボワティ
題目	日本全国から収集したヒガンバナ科植物およびそのウイルス動態に関するゲノム解析研究 (A Study on Genomic Insights into the Dynamics of Amaryllidaceae Family and Their Viruses Collected from All Over Japan)
<p>ヒガンバナ科のスイセン(<i>Narcissus</i>)とノビル(<i>Allium macrostemon</i> Bunge)は日本で良く知られた植物であり、これらの植物とその植物に感染する病原体のゲノム研究は、進化解析やウイルス-ウイルス間の相互作用および遺伝的多様性などを理解する上で重要である。</p> <p>特にスイセンに感染するスイセン晩期黄化ウイルス(NLSYV)とスイセン退緑ウイルス(NDV)は、スイセンにおける主要な病害であり、深刻な病害を引き起こす。しかしながら、日本におけるスイセンウイルスの共感染や分布の詳細については不明な点が多い。本研究では、日本国内においてモザイク病や縞葉を示すスイセンを無症状株とともに収集し、進化的解析を行った。その結果、(1) NLSYVは広く分布しているが、NDVの分布は日本の南西部に限られていること、(2) NLSYV分離株の塩基配列は約82%のホモロジーを共有しているが、NDV分離株の塩基配列は約94%と高かったこと、(3) NLSYVには3つの新規の組換え型パターンが見いだされたこと、(4) NLSYVは少なくとも5つの異なる系統群から構成されているのに対し、NDVは2つであること、(5)スイセンウイルスの感染は、異なるウイルス間、又は同じウイルスの異なる分離株間で起こることが明らかとなった。</p> <p>一方、ノビルは日本全国に分布する野生のタマネギの一種であり、その遺伝的多様性を明らかにし、進化過程を解明することは、この植物の歴史的意義を明らかにする上で重要である。本研究は、restriction site-associated DNA sequencing (RAD-Seq)法を用いて日本の様々な地域から得られた47系統のノビルの遺伝的多様性を調べることで、この知識のギャップを埋めることを目的とした。解析の結果、独自の集団構造が確認され、3つ(A,BおよびC)の異なる群に分けられた。注目すべきは、A群とB群では球根伝播の明確な証拠が見られたが、C群では見られなかったことである。さらに、C群は4つの下位群(C1、C2、C3、C4)を形成し、下位群C1とA群、B群のいずれか、あるいは両方との交雑により、下位群C2、C3、C4が出現したことから、A群、B群、C1群が祖先集団であると推定できた。また、供試系統の栽培試験により、3つの群には明確な形態的特徴があることが示された。これらの結果は、人間の移動が植物の分布に影響を与えた可能性を示しており、過去に活発な利用があったが、その後衰退し、現在では利用されていない状態を引き起こしていることを示唆していた。</p> <p>以上の研究成果は、ウイルスの感染パターンや植物の遺伝的多様性を解明することが、ウイルス病の制御戦略や未利用の植物資源の効果的な利用に向けた重要な一歩であることを示している。従って、これらの植物の進化や生態系での役割についての理解を深めることは、持続可能な保全・利用方法を模索する手助けとなる。</p>	