

(学位第 8 号様式)

No. 1

学位論文審査結果の要旨	
学位申請者 氏名	Wiwit Probowati
審査委員	主査 佐賀大学 准教授 福田伸二
	副査 佐賀大学 准教授 永野幸生
	副査 鹿児島大学 准教授 中村正幸
	副査 佐賀大学 教授 石丸幹二
	副査 佐賀大学 教授 一色司郎
審査協力者	
題目	A Study on Genomic Insights into the Dynamics of Amaryllidaceae Family and Their Viruses Collected from All Over Japan (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)
<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、進化学的解析を行った。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</p>	

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。

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に、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、人類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。

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知見となりうると考えられた。

以上のことから、本審査委員会は、本論文が博士 (農学) の学位論文として十分に価値があるものと判定した。