

(学位第9号様式)

No. 1

最終試験結果の要旨	
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	
実施年月日	令和 5年12月27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>主査及び副査は、令和5年12月27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	Wiwit Probowati
<p>[質問1] 東日本では単一のウイルスに感染しているのに対し、西日本では多くのウイルスに感染している。これは何なのか？なぜこのようなことが起こるのか？北の低温との相関関係はあるのだろうか？</p> <p>[回答1] アブラムシ媒介によるウイルスの伝播は様々な要因に影響されるが、その一つが気温である。北は寒く、南に行くほど気温は高くなる傾向にある。従って、ウイルスもそれを媒介するベクターも環境条件、特に気温に適応する。ベクターと宿主植物との相互作用も影響する。ウイルスには植物に感染する温度範囲があると思われる。水仙のウイルスは温暖な地域ではよく適応しているかもしれないが、寒冷な地域では適応しているウイルスは限られていると考える。</p> <p>[質問2] ノビルにはどのようなウイルスが感染しているのか？なぜノビル植物中のウイルスの分布を分析しなかったのか？</p> <p>[回答2] ノビルへの感染については、大島ら(2021)により <i>Scallion mosaic virus</i> (ScaMV)の感染が報告されている。先行研究で解析済みであったため、再解析は行わなかった。</p> <p>[質問3] 分析したサンプルの数に興味があります。なぜノビルでは47株しか調べていないのですか？スイセンの株数に比べると、とても少ないですね。分析するのに十分な数なのでしょうか？</p> <p>[回答3] 日本の各地域から集めているので、十分な解析数だと思います。ウイルスゲノム解析と植物ゲノム解析は異なります。RAD-seqによる植物ゲノム解析では、1系統当たりのコストが高く、供試個体数に限りがあります。また、ノビルのゲノムサイズが大きいこともあり、パイオインフォマティクス解析では解析が難しくなると考えられる。</p> <p>[質問4] ノビル染色体の数は？倍数性は？</p> <p>[回答4] 今回の研究では、植物の染色体数や倍数性について述べていないが、私が所属する研究室の研究成果では、四倍体、五倍体そして六倍体の存在が確認されている。染色体数は $4x=32$、$5x=40$ および $6x=48$ である。</p> <p>[質問5] この結果から、A群、B群、およびサブグループ C1は、それぞれ異なる祖先集団との報告があった。外国から導入されたグループはどれか？</p> <p>[回答5] A群、B群、C群に別れ、特にCは4つのサブグループ C1、C2、C3、C4に分かれる。混血のプロットでは、A群、B群、C1群は他の群からの遺伝子の流入がない</p>	

ために祖先集団と判定した。注目すべきは、主に球根繁殖によって繁殖する A 群と B 群で、これは人為的な移動に適した方法であるが、外国から導入された可能性がある。さらに、別の解析で、B 系統の可能性が示唆されている。

〔質問 6〕 ノビル A 群と B 群の由来は中国か韓国か？

〔回答 6〕 これらの集団がどこから来たのか、中国から来たのか韓国から来たのか、結論づけるのは難しい。ただ、研究室の研究成果によると B グループの 1 系統は、中国から採取されたノビルと非常に似た配列をしていた。しかし、この植物の原産地や伝播経路を決定的にするためには、より包括的な調査が必要である。

〔質問 7〕 ヒガンバナ科植物からウイルスを検出した結果、単独感染と共感染が確認された。なぜ NLSYV と NDV だけを分析したのですか？

〔回答 7〕 日本における主要なスイセンポティウイルスは NLSYV、NYSV、NDV です。NLSYV と NDV については、すでに先行研究で NYSV 類似ウイルスの疫学が報告されているため、そのウイルスに注目しました。

〔質問 8〕 NLSYV と NDV が日本に導入された時期を特定できますか？

〔回答 8〕 ウイルスが日本に持ち込まれた時期を特定するのは難しい。海外から収集したサンプルを追加して、さらに分析を進める必要がある。

〔質問 9〕 今後、バイオインフォマティクス解析を活用して、どのような解析に興味をお持ちですか？

〔回答 9〕 次回の研究でどの植物を分析するかは決めていない。以前、インドネシア産の黒イモ (*Coleus tuberosus*) の染色体数について報告したことがあります。私は、NGS 法とバイオインフォマティクス解析を使って、この種を解析することに非常に興味があります。

〔質問 10〕 論文を拝見したところ、シーケンスによる遺伝子型 (GBS) について書かれていました。GBS には 2 つの意味があり、1 つはシーケンサーの 1 つという意味、もう 1 つは RAD-seq のような方法という意味です。お間違えのないようにお願いします。

〔回答 10〕 私の意図する GBS は一塩基多型 (SNP) を発見する手法としての RAD-seq を示します。本文中では、このような記述もあることを明記します。