

学位論文審査結果の要旨

学位申請者 氏 名	Huy Duc Nguyen
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 諸見里 善一
	副査 佐賀大学 准教授 徳 田 誠
審査協力者	
題 目	Studies on the spatial and temporal evolution of <i>Turnip mosaic virus</i> (カブモザイクウイルスの空間的・時間的進化に関する研究)
<p>空間的・時間的進化の研究が動物ウイルスを中心に報告されている。特に分子時計に関わるバイオインフォマティクスを用いた時間的進化の研究が最近注目を集め、多くの動物ウイルス種について報告され始めた。一方植物ウイルスの空間的進化についてはこれまで多くの研究が報告されてきているが、時間的進化についてはほとんど報告はされてこなかった。そこで、植物 RNA ウイルスとして大きな被害をもたらしているポティウイルス科ポティウイルス属のカブモザイクウイルス (TuMV) を材料として、限られた地域での空間的進化の解析を行い、さらに研究を発展させて時間的進化の解析を行った。</p> <p>TuMV は、キュウリモザイクウイルスやカリフラワーモザイクウイルスと共にアブラナ科農作物に感染する代表的なウイルス種であり、世界中に広く分布し甚大な被害を与えている。2006 年から 2008 年にかけてベトナムのアブラナ属とダイコン属植物から 30 分離株の TuMV を採集した。それら TuMV 分離株ゲノムの全塩基配列を決定後、既に報告されている世界中から採集した 105 分離株のゲノム全塩基配列と共に空間的進化を解析した。ポリタンパク質</p>	

コード領域, さらに 4 タンパク質コード領域 [ヘルパー成分プロテアーゼタンパク質 (HC-Pro), 第 3 タンパク質 (P3), 核内封入体 b タンパク質 (NIb) および 外被タンパク質(CP)] の塩基配列を用いて, 系統学的及び集団遺伝学的解析を行い, ベトナムサブ集団と中国や日本サブ集団間の分化についても比較した。その結果, ベトナム産分離株では 9 種類のグループ間およびグループ内組換え体型が同定され, その中で 7 組換え体型は本研究で新たに発見された。非組換え体型のベトナム産分離株は全て world-B ゲノム型グループに属し, 中国産分離株とクラスターを形成した。遺伝的分化と遺伝子流動の解析から, ベトナム, 中国と日本産集団は遺伝的に関連しており, 部分的に創始者効果が認められることも明らかとなった。以上は, 東南アジアにおける植物ウイルスとして最初の集団遺伝学に基づいた空間的進化の研究となった。

1968 年から 2007 年にかけて, 世界中のアブラナ科植物や非アブラナ科植物から 155 分離株を採集し, TuMV の時間的進化を解析した。アブラナ科植物に感染する系統 (TuMV-BIs) の姉妹系統 (TuMV-OM) をヨーロッパ地方の野生のラン植物から発見した。TuMV-OM 系統について宿主範囲を詳細に調査すると, TuMV-OM 系統の全分離株は生物学的に近い関係であったが, アブラナ科植物にはほとんど感染せず, 農作物に発生している一般的な TuMV-BI 系統とは明らかに異なる系統であり, TuMV の起原型と思われた。本研究で解析した新規の塩基配列に既報の塩基配列を加え, 3 タンパク質コード領域 (HC-Pro, P3 及び NIb) についてベイズ法により時間的進化の解析を行った。分岐年代解析の結果 TuMV-BI 系統は, TuMV-OM 系統から約 1000 年前に分岐したことを示唆する結果が得られ, そのわずか 150 年後に現在世界中に拡散している TuMV-BI 系統の 4 ゲノム型グループ (basal-B, basal-BR, Asian-BR 及び world-B) に分岐したと考えられた。以上の結果は西ヨーロッパにおける農業の拡散の歴史と一致していたことから, ウイルス拡散と農業の発展或いは栽培植物の移動に深い関係があることが示唆された。

本研究では, TuMV の空間的・時間的進化を解析し, 一植物ウイルス種の起源などを世界に先駆けて明らかにした。これらの成果は, ウイルス研究に大きな影響を与えるだけでなく, 本研究で得られた情報が, 将来の植物防疫, 発生予察さらに抵抗性品種育種にも応用できることから, 植物病理学上の基礎から応用面への貢献が極めて高いものと評価された。

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。