

最終試験結果の要旨	
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	
実施年月日	平成 25 年 7 月 13 日
試験方法 (該当のものを○で囲むこと。) <input checked="" type="radio"/> 口答・筆答	
<p>主査および副査は、平成 25 年 7 月 13 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

Huy Duc Nguyen

[質問1]

本論文では、今日発生しているカブモザイクウイルス (TuMV) は、昔野生のランに感染していたウイルスがアブラナ科植物そしてアブラナ属、ダイコン属に対して病原性を獲得し、現代の農業に適応進化してきたウイルスと結論付けている。逆にアブラナ科植物に病原性を持ったTuMVが進化して、病原性を失ったとは考えられないのか。

[回答1]

系統樹からは、野生のランに感染していたTuMVがアブラナ科植物に病原性を持つようになったと推測されるか、その点は否定できない。ただし、TuMVが属するポティウイルス属の起原型ウイルスやTuMVグループの起原型ウイルス、系統樹で言えばアウトグループに属するウイルスは全て単子葉植物に感染するウイルスであり、また野生のランは単子葉植物、アブラナ科植物は双子葉植物とすることを考えると、現在発生して農業に被害を与えているTuMVは野生のランを起源とすると考えるのが妥当と思われる。従ってTuMVはアブラナ科植物の病原性を獲得し進化してきたのではと考える。

[質問2]

野生のランから分離したウイルスとアブラナ科植物に感染するウイルスの各遺伝子について塩基配列の相同性(%)を調べたか。

[回答2]

ゲノム全体の各部位の塩基配列の相同性についてはシミュラリティープロットを用いて解析し図として掲載している。各遺伝子間の相同性(%)については記載していないので、後程文章に追加する。

[質問3]

ゲノム内のどの遺伝子とどのアミノ酸変異が、アブラナ科植物に病原性を獲得するのに関与したか検討したか。

[回答3]

遺伝子レベルではP1とP3タンパク質遺伝子内に野生のランから分離したTuMVと他のTuMVの間にアミノ酸の相違が幾つかみられる。変異については、現在様々なソフトウェアを用いて比較しており、どの変異が最もアブラナ科植物への病原性に重要なのか、新たな論文として現在まとめている最中である。

[質問4]

BEASTによるTMRCAの分岐年代の見積もりとは、具体的にどのような値を意味しているのか。

[回答4]

BEASTによるTMRCAの分岐年代値は過小評価した値として出てくる。表に掲載しているTMRCAの分岐年代値は平均値である。

[質問5]

分岐年代は非栽培植物と栽培植物に影響すると書いてある。ウイルスは非栽培植物と栽培植物のどちらで拡散したのか。

[回答5]

TuMVはアブラムシにより非永続伝染するので、おそらく限られたような狭い地域ではアブラムシにより伝搬され、遠く離れた地域への移動については農作物の移動など人為的な運搬が関与して拡散したのではと推測される。

[質問6]

系統樹で野生のランのグループと4グループ (Orchis, basal-B, basal-BR, Asian-BR と world-B groups) を見つけたが、その他にはグループは認められなかったのか。

[回答6]

これ以上のグループは、今のところ認められていない。ただし組換え体を含めて分子系統樹を作成すると、幾つかの組換え型のグループが系統樹に見られる。

[質問7]

緒言に空間的そして時間的な研究はウイルス病防除などに役立つと書かれていたが、この研究をしてみてもどのような考えが浮かんだのか。

[回答7]

最も考えられるのは、このような解析は世界中で発生しているウイルスのゲノム構造を網羅的に解析するので、各国での植物検疫にはとても有効と思われる。またウイルスの抵抗性品種の育成にもこれらの情報は利用できる。

[質問8]

分子系統樹では、ベトナム集団や日本集団に含まれる多くの分離株は単一クラスターを形成しているが、それでも遺伝子流動は頻繁であったのか。

[回答8]

多くの分離株は確かに単一クラスターを形成しているが、一部では別々の国が混ざったクラスターを形成している。そのために遺伝子流動が頻繁であったと言う結果になったのではと推察される。

[質問9]

BEASTのTMRCAの結果には、標準誤差が示されていないが、もしあるのなら示すべきではないのか。

[回答9]

BEASTソフトウェアにはできるだけ正確なTMRCAを導くために、3種の分子時計モデルが組み込まれている。それらのモデルの中で最良のモデルを選択し解析することになるので、標準誤差などの数値は出てこない。

[質問10]

各遺伝子領域の遺伝子流動の解析については、組換え体を除いて解析したか。

[回答10]

はい。表には組換え体を除いて解析した値を掲載している。