

学位論文審査の結果の要旨

Summary of Doctoral Dissertation Examination

氏 名/Name	MAZIN MAHJOOB MOHAMED MAHJOOB
審査委員 Examining Committee	Chief Examiner 主 査 辻 本 壽 (印)
	Assistant Examiner 副 査 石 井 孝 佳 (印)
	Assistant Examiner 副 査 小 林 伸 雄 (印)
	Assistant Examiner 副 査 執 行 正 義 (印)
	Assistant Examiner 副 査 田 中 裕 之 (印)
題 目 Title	Genetic studies on intraspecific variations of <i>Aegilops tauschii</i> to enhance bread wheat diversity
審査結果の要旨 (2,000字以内) / Summary of Doctoral Dissertation Examination (Within 1200 words)	
<p>本学位論文は、パンコムギ(<i>Triticum aestivum</i>、ゲノム AABBDD)の近縁野生種、タルホコムギ(<i>Aegilops tauschii</i>、DD)の多数の系統を用い、これら系統を遺伝学および生理生態学的に研究し、その種内変異の全容と進化過程を調査し、その結果から、タルホコムギの種内変異をパンコムギの育種に利用する方法について考究した内容を含むものである。</p> <p>本学位論文で、MAHJOOB氏は、最初に、タルホコムギの研究の歴史について文献レビューをしている。タルホコムギは、パンコムギにDゲノムを供与した種として、<i>Aegilops</i>属の中でも特に詳細に研究されてきた種である。これまでの形態を元にした分類学的研究では、2つの亜種 (<i>tauschii</i>亜種と <i>strangulata</i>亜種) の存在が認められており、<i>tauschii</i>亜種は、本種の分布域全体(シリアから中国の乾燥地)に、<i>strangulata</i>亜種はカスピ海沿岸南東部とコーカサス地域に限定して分布すると報告されている。一方、アイソザイムやDNA多型を用いた分子系統学的研究によって、3つの分子系統群(TauL1、TauL2およびTauL3系統群)のある事が認められ、多くの研究から、これら3つの分子系統群が、上記の2亜種に対応せず、TauL1系統群は<i>tauschii</i>亜種のみを含み、TauL2系統群は<i>tauschii</i>と<i>strangulata</i>両亜種を含むことを示唆している。一方、この見解とは異なる報告もあり、タルホコムギの亜種と分子系統群の関係や、本種における種内変異の全容は把握されていなかった。本学位論文は、多数のタルホコムギ系統と多数のDNAマーカー、さらには、これら系統の形態から、タルホコムギの種内変異の全容を明らかにするために行われた。</p> <p>本学位論文の前半では、タルホコムギの全分布域から集められた293系統を用い、ゲノム全体に存在し高品質な一塩基多型を与える、5,880個のDArTseqマーカーによる分子系統解析を行った。その結果、それぞれ、175、113、5系統が、TauL1、TauL2、TauL3系統群に属することが明らかとなった。系統の中には詳細なパスポートデータを欠落していたものもあったが、これらの系統も、本研究で、この3つの分子系統群に分類することができた。次に、これら分子系統群に見られる特徴的な形態の有無を調べるために、葉関連形質(止葉長、止葉幅)、穂関連形質(穂長、穂幅、穂あたり種子数、穂重)、到穂日数、生理形質(NDVI、葉面温度、葉緑素含量)を測定したが、それぞれの群内にこれら形質の大きい変異はあるものの、ほとんどの形質は、系統群間で変異幅が重なっており、系統群特異的な形質は見いだされなかった。その結果、遺伝的に異なっている、類似の環境で生育するため、形態が類似すること、つまり、適応集中による進化が起こっているとの考えに至った。</p>	

学位論文の後半では、異なる分子系統群間で見られる変異の遺伝的基礎を明らかにするために、ゲノムワイド関連解析法 (Genome Wide Association Study, GWAS) を適用し、それぞれの分子系統群内で、形態および生理形質の変異に相関するマーカーから染色体領域を同定した。その結果、79種類のSNPsの違いが、特定の形質と相関しており、これらマーカー形質相関 (Marker Trait Association, MTA) のうち、多くが分子系統群に特異的であり、系統群間で、変異の基礎となる遺伝様式は、必ずしも一致しないことが明らかとなった。つまり、両系統群が早い時期に分岐し、その後交流がなく独立に進化してきたことが示唆された。

これらの学位研究の内容から、タルホコムギを遺伝資源としてコムギ育種に利用する際に考慮すべき点が明らかとなった。つまり、本種を遺伝資源として利用する際には、1つの分子系統群に由来する系統を利用するのではなく、両群に由来する系統を利用すべきことが示された。本学位論文の内容は、既に、2報の公開論文としてまとめられ出版されている。両公開論文および本学位論文を通じて、野生種がもつ遺伝子が作物の改良に有用である事、また、利用の際は、特定の系統を用いるのではなく、その種内変異を考慮すべき事が示された。

従来、近縁野生種を育種に用いる際、限られた系統のみを用いて遺伝子導入が行われる事が多かったが、本学位論文では、近縁野生種における種内変異の研究を行い、広く種内変異を有用遺伝資源発掘の調査対象にする必要のある事を明らかにした。この点で、本学位論文は新規性の高い内容を含んでおり、博士論文に適していると判定された。