

論文審査の結果の要旨

氏名 楊 静佳

本論文は、イネ栽培種並びに野生種のゲノム比較解析によって、栽培化過程におけるイネの歴史や進化的変化を明らかにしたものであり、以下の3章からなる。

第1章において、アジアの野生種であるオリザ・ルフィポゴンと栽培種であるオリザ・サティヴァの系統関係を解き明かした。まず、サティヴァに属する主要な2グループのジャポニカ及びインディカのゲノム配列を、ルフィポゴンのW1943（多年生）の完全長cDNA配列と比較解析した。その結果、イネの大規模解析に於いては遺伝子系統樹の不整合性（gene tree discordance）といわれる現象を考慮に入れなければならないことが判明した。栽培種と野生種の系統関係を更に深く解明すべく、2つの栽培種と2つの野生種を含む4つのグループでゲノム全体をカバーするようなデータを使用した。ルフィポゴンのW1943とW0106（一年生）においては、全トランスクリプトームのショットガン法による配列（RNA-seq）を、また、インディカの広陸矮4においてはゲノムの短鎖配列を用いた。この解析でジャポニカはW1943により近く、一方でインディカはW0106により近かったことから、ジャポニカとインディカは異なる野生イネから得られたことが示された。

第2章においては、ジャポニカとインディカの間の遺伝子交流がはっきりと同定された。これは、第1章の樹形のパターンが、ジャポニカとインディカのグループ間での交雑が生じたことを示唆したことによる。この交雑はインディカ栽培種が分岐して多様化する以前に起こったのかもしれない。加えて、遺伝子交流の規模と方向を詳細に調べたところ、およそ5%の遺伝子が導入されており、幾つかの既知の栽培化関連遺伝子を含めて、大半はジャポニカからインディカに入っていた。

第3章において、交雑と祖先多型も考慮に入れた上でジャポニカとインディカの分岐時間を推定したところ、およそ120,000年前であった。さらに、有効な集団の大きさを推定すると、ジャポニカの祖先集団は野生イネの祖先に比べてはるかに小さく、ジャポニカの栽培化過程において強い瓶首効果のあったことが示唆された。

結論として、本研究は、ジャポニカとインディカが異なる栽培化の歴史を経ながらも、それらの間で非常に多くの遺伝子が動いていたことを明らかにした。従って、本論文は、現在見られるアジアの栽培イネがどのようにして形成されたかを詳細に解明したものであると認められる。

なお、本論文第1章と第2章は、農業生物資源研究所の松本隆、伊藤剛、沼寿隆、坂井寛章、川原善浩、呉健忠、水野浩志との共同研究であるが、論文提出者が主体となって大規模配列解析及び検証を行ったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

したがって、博士（生命科学）の学位を授与できると認める。

以上1171字