

審査結果の要旨

論文題目 「A study of genome size changing in higher plants」
(高等植物におけるゲノムサイズ変化に関する研究)

学位申請者 Santhita Tungkajiwangkoon

本論文は、ゲノムの多様性の研究を取り扱うための材料として、代表的な食虫植物の 1 つであるモウセンゴケ科の、ゲノムサイズレンジと染色体サイズの変異がどのようにして起きたかを追求したものである。

進化や種分化に伴うゲノムおよび染色体サイズの大きな変化は、いくつかの生物においてみられる興味深いトピックであるが、真核生物のうち、特に高等植物である被子植物は異例で 2000 倍もの幅広いゲノムサイズレンジを示すことが知られている。このため、科 (ファミリー) のレベルでみると、そのほとんどの分類群は比較的小きなゲノムサイズと小型から中型の染色体をもっており、被子植物全体からみたサイズレンジに匹敵する分類群は、キク科、マメ科、ユリ科、イネ科などの数千種から 1 万種を超える巨大ファミリーに限られている。しかしながら、ゲノムの多様性の研究を取り扱うための材料として、このようなファミリーを対象にした場合、非常に多くの種数を取り扱わなければならないという問題が生じている。これに対し、代表的な食虫植物の 1 つであるモウセンゴケ科は、コンパクトな分類群であり、約 150 種からなる。にもかかわらず、巨大ファミリー同様のゲノムサイズバリエーションを保持しているだけでなく、染色体の数的変異やサイズ変異も被子植物としての変異幅と同等であることが知られている。さらに、このグループは独自の形態進化と大きな染色体変化をともなっている点において、本トピックをあつかうためのモデル植物である。

それにも関わらず、モウセンゴケ科のゲノムサイズデータや核形態学的情報はわずかである。例えば、本科の C 値(ゲノムサイズに相当する DNA 量)は Rothfels and Heimburger (1968)によって初めて報告されて以降、わずか数報のみであり、全種数の 1 割にも満たない。

そこで申請者は、本植物のゲノムサイズと核形態学的情報を明らかにするために、特に抗アレルギー効果をもつドロセラ節グループを中心にゲノムサイズの推定とプロイディーレベルの決定を行った。その結果、モウセンゴケ科 3 属の非常に大きなゲノムの差異からは、属間の進化方向についての新たな知見を得ることはできなかったが、ドロセラ節にみられる非連続的サイズの多様化は、系統学的背景の中に倍加を含めたゲノムと染色体サイズの変化方向についての明らかな知見を得ることができた。また、ドロセラ節の分子系統樹は、祖先に約 0.4 pg (ca. 400 Mbp) の 1Cx ゲノムサイズをもつことが示された。祖先の 1Cx のゲノムサイズが 0.4 pg と仮定すると、モウセンゴケ属の倍数性グループの放散はゲノムサイズの増加を伴っていることが示唆された。ゲノムサイズの増加には、ゲノム自体の倍加による増加と、倍加を伴わない染色体サイズの変化による増加の 2 つの異なるタイプがみられた。さらに興味深いことに、雑種起源をもつモウセン

ゴケ属の種では、明らかなゲノムサイズの減少がみられたことをつきとめた。

また、ゲノムサイズの減少がどのような要因で引き起こされるのかを調べる目的で、雑種起源であるトウカイコモウセンゴケとその両親種であるモウセンゴケとコモウセンゴケの 3 種を材料に 1200 個の RAPD プライマーを用いてディファレンシャルディスプレイを行った結果、トウカイコモウセンゴケの共通断片のうち、モウセンゴケのゲノムから増幅した DNA 断片は、コモウセンゴケのゲノムから増幅した DNA 断片の 2 倍以上多いことを明らかにし、本分類群のゲノムサイズが増加の方向で進化あるいは種分化を伴っていることから鑑みて、優先して増幅される DNA は、大型化した染色体に付加された配列である可能性を示すことができた。

さらに、トウカイコモウセンゴケと同一のゲノム構成をもつ人工 6 倍体系統の作出を試みた。作出にはモウセンゴケとコモウセンゴケの人工交雑によって得られた 3 倍体雑種をコルヒチンによって倍加処理を行い、そこから細胞遺伝学的手法によって選抜し、キメラ細胞が認められない人工 6 倍体雑種を 3 系統作出することに成功した。

モウセンゴケはヨーロッパの伝統薬として百日咳や喘息の治療に使用するなど、古くから医薬面での利用や研究が行われてきた。近年の研究でトウカイコモウセンゴケは、モウセンゴケ以上に強いマスト細胞活性化抑制作用を示している。よって、トウカイコモウセンゴケと同一のゲノム構成をもつ人工 6 倍体系統の作出は、今後、アレルギー性炎症を抑制する機能性の高い有用遺伝子の探索を効率よく進めていく上で重要な系統となる。

上記の研究をふまえ、申請者は 2016 年 7 月 20 日に行われた学位論文公開発表会においても、理路整然と発表し、その後の質疑応答では、理論から応用まで広範囲の質問にも的確に対応した。また、本学位論文に記された成果は、すでに 2 報の国際学術誌に筆頭著者として発表している。

以上の結果、本論文は学位論文として十分な内容を有するものと審査委員全員の一致で判定された。したがって、申請者 **Santhita Tungkajiwangkoon** は東海大学博士（農学）の学位を授与されるに値すると判断した。

論文審査委員

主査	農学博士	田中 彰	海洋学部教授	(生物科学研究科生物科学専攻)
委員	農学博士	村田 達郎	農学部教授	(生物科学研究科生物科学専攻)
委員	農学博士	荒木 朋洋	農学部教授	(生物科学研究科生物科学専攻)
委員	農学博士	小松 春喜	農学部教授	(生物科学研究科生物科学専攻)
委員	博士(理学)	星 良和	農学部教授	(生物科学研究科生物科学専攻)