

(続紙 1)

京都大学	博士 (農 学)	氏名	杉原 優
論文題目	Studies on the hybrid origin of Guinea yam and its evolution (ギニアヤムの雑種起源と進化)		
(論文内容の要旨)			
<p>単子葉植物ヤマノイモ属(<i>Dioscorea</i>)は、ヤムと総称される多くの根菜作物を含む。西アフリカのギニア湾岸で生産されるギニアヤム(<i>Dioscorea rotundata</i>)は、世界のヤム生産の90%以上を占める。ギニアヤムは、西アフリカの主食であるとともに、地域の社会・文化にとって不可欠な作物である。ギニアヤムには形態的に識別できる2タイプ(シロギニアヤムとキイロギニアヤム)があるが、いずれも栽培型のみで野生型は存在しない。ギニアヤム近縁野生種には、主にサバンナ地帯に分布するアビシニカヤム(<i>D. abyssinica</i>)と熱帯雨林に分布するプラエヘンシリスヤム(<i>D. praehensilis</i>)が知られているが、ギニアヤムとこれら野生種の関係は不明であった。本論文は、ギニアヤムと野生種との関係を明らかにすることを目的とした。各種の多数系統のゲノム配列データを詳細に解析した結果、ギニアヤムが、アビシニカヤムとプラエヘンシリスヤムのホモプロイド雑種起源である可能性が高いことが示された。</p> <p>第1章では、ヤマノイモ属の系統進化、世界のヤムの起源について、現在までの知見を概説した。</p> <p>第2章では、ギニアヤムのゲノム配列データをもとに、近縁野生種との遺伝的関係を解明した。ゲノム解析に基づく先行研究で、ギニアヤムがプラエヘンシリスヤム起源であるとの説が提唱された(Scarcelliら、2019)。本研究では、その妥当性の検証を行った。はじめにギニアヤムの336系統のゲノム配列を解読し、抽出した一塩基多型(SNP)情報をもとにクラスター解析により遺伝的多様性を評価した。その結果、これらの系統を大きく5つのクラスターに区分することができた。クラスター1は、他と大きく異なり、特有のSNP型を多数保有することから、遠縁種との雑種であることが推察された。クラスター1の系統を除外したギニアヤムゲノムデータと、Scarcelliら(2019)のギニアヤム、アビシニカヤムとプラエヘンシリスヤムのゲノムデータを総合して解析したところ、ギニアヤムのグループは、プラエヘンシリスヤムよりもアビシニカヤムと遺伝的に近縁であることが示された。プラエヘンシリスヤムにはナイジェリアなどの西部の集団とカメルーンなどの東部の集団がある。SNPデータの集団遺伝学的解析により、カメルーン集団は、西部プラエヘンシリスヤム、アビシニカヤムと遺伝的に遠縁であることが示された。次に、ギニアヤム、アビシニカヤム、西部プラエヘンシリスヤムを対象として、これら3グループの遺伝的類縁関係を解析した。アビシニカヤムと西部プラエヘンシリスヤムの2種において異なる塩基に固定しているSNP座位に注目すると、ギニアヤムにおいて野生種2種の塩基がいずれも高い頻度で見られることが示された。そこで、(1)ギニアヤムはアビシニカヤム起源、(2)ギニアヤムは西側プラエヘンシリスヤム起源、(3)ギニアヤムはアビシニカヤムと西部プラエヘンシリスヤムの雑種起源の3つの仮説を設定し、観察されたSNP分布を説明する各仮説の統計的尤度(likelihood)を比較したところ、(3)の仮説の尤度が最も高かった。これらの結果から、ギニアヤムはアビシニカヤムと西部プラエヘンシリスヤムの雑種起源である可能性が高いことが示された。さらに集団遺伝学的解析から、アビシニカヤムと西部プラエヘンシリスヤムの野生種は、いずれも栽培種ギニアヤムの数倍以上の遺伝的多様性を保有することも判明した。被子植物において母系遺伝する葉緑体DNAを解析したところ、ギニアヤムの大多数の系統は、ナイジェリア、ベニン地域のアビシニカヤムと同じDNA型を保有することが示された。これらの結果から、ギニアヤムはナイジェリア、ベニン地域に分布するアビシニカヤムが母親、同地域のプラエヘンシリスヤムが父親となって生じた雑種起源であることが推察された。またギニアヤムのゲノム各領域について両野生種との遺伝的距離を比較したところ、性決定遺</p>			

伝子が座する第11染色体はアビシニカヤムに近いこと、浸透交雑の痕跡が見られるゲノム領域が存在することも判明した。

以上のように、本研究ではギニアヤムと近縁野生種の多数の系統のゲノム配列を最新の集団遺伝学的手法により解析することにより、ギニアヤムの雑種起源を明らかにすることに成功した。今後、近縁野生種の遺伝的多様性を調査することにより、農業上有用な対立遺伝子を同定し、ギニアヤムの育種に貢献することが期待される。

注) 論文内容の要旨と論文審査の結果の要旨は1頁を38字×36行で作成し、合わせて、3,000字を標準とすること。

論文内容の要旨を英語で記入する場合は、400～1,100 wordsで作成し
審査結果の要旨は日本語500～2,000字程度で作成すること。

(論文審査の結果の要旨)

単子葉植物ヤマノイモ属(*Dioscorea*)は、ヤムと総称される多くの根菜作物を含む。西アフリカのギニア湾岸で生産されるギニアヤム (*Dioscorea rotundata*)は、世界のヤム生産の90%以上を占める。ギニアヤムは、西アフリカの主食であるとともに、地域の社会・文化にとって不可欠な作物である。ギニアヤム近縁野生種には、主にサバンナ地帯に分布するアビシニカヤム(*D. abyssinica*)と熱帯雨林に分布するプラエヘンシリスヤム(*D. praehensilis*)が知られているが、ギニアヤムとこれら野生種の関係は不明であった。本論文は、ギニアヤムと野生種の間関係を明らかにすることを目的として、多数系統のゲノム配列データを最新の集団遺伝学的手法によって解析した結果、ギニアヤムがアビシニカヤムとプラエヘンシリスヤムのホモプロイド雑種起源である可能性が高いことを示した。本研究の評価できる点は以下の通りである

1. 栽培種ギニアヤムと近縁野生種プラエヘンシリスヤム、アビシニカヤムのゲノム解析から、ギニアヤムはプラエヘンシリスヤムよりもアビシニカヤムに近縁であることを示し、ギニアヤムがプラエヘンシリスヤム起源であるとの最近提唱された説が支持されないことを示した。
2. ゲノム配列の集団遺伝学的解析から、栽培種ギニアヤムは、近縁野生種プラエヘンシリスヤム、アビシニカヤムの雑種起源である可能性が高いことを示した。
3. 葉緑体ゲノムの解析から、ギニアヤムは、ナイジェリア、ベニン地域に分布するアビシニカヤムが母親、同地域のプラエヘンシリスヤムが父親となって生じた雑種起源であることが推察された。
4. ギニアヤムの遺伝的多様性と比較して、近縁野生種プラエヘンシリスヤム、アビシニカヤムの多様性は数倍以上であり、今後の育種においてこれら野生種の対立遺伝子の利用が有効であることを示唆した。

以上のように、本論文は、ゲノム配列の集団遺伝学的解析により重要根菜作物ギニアヤムの起源を解明することに成功しており、作物の起源と進化について、新たな知見を得ることに成功している。これらの成果は、栽培植物起原学、植物遺伝学、集団遺伝学の発展に寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士(農学)の学位論文として価値あるものと認める。

なお、令和5年2月20日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士(農学)の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。

注) 論文内容の要旨、審査の結果の要旨及び学位論文は、本学学術情報リポジトリに掲載し、公表とする。

ただし、特許申請、雑誌掲載等の関係により、要旨を学位授与後即日公表することに支障がある場合は、以下に公表可能とする日付を記入すること。

要旨公開可能日： 年 月 日以降 (学位授与日から3ヶ月以内)