

学位論文審査の結果の要旨

氏名	Offiong Ukpong Edet
審査委員	<p>主査　辻本　壽 <input checked="" type="checkbox"/></p> <p>副査　明石　欣也 <input checked="" type="checkbox"/></p> <p>副査　小林　伸雄 <input checked="" type="checkbox"/></p> <p>副査　田中　裕之 <input checked="" type="checkbox"/></p> <p>副査　許東河 <input checked="" type="checkbox"/></p>
題目	Accelerating wheat-alien introgression breeding and genome analysis using genome-wide markers

審査結果の要旨（2,000字以内）

地球温暖化は一般に作物の成長と生産性に負の影響を与えると予想されている。特に、冷涼な気候を好むパンコムギ(*Triticum aestivum*)は、他の主要作物に比べ温暖化の影響を強く受けることが知られている。このような状況の中、今後もパンコムギを必要量生産するためには高温耐性をもつ品種の開発が不可欠であるが、パンコムギのジーンプールの中には有効な高温耐性遺伝子がなく、近縁種の耐性遺伝子を利用する必要がある。

イネ科コムギ連(tribe Triticeae)に属する野生種は、パンコムギとの交雑が可能で、遺伝子を導入できるため、従来よりコムギの遺伝資源として認識してきた。しかし、重要作物であるパンコムギとは異なり、野生種のゲノム解読はほとんど進んでおらず、この遺伝子をパンコムギの遺伝的背景に導入するためには、染色体識別のための特殊な細胞遺伝学技術が必要である。

本博士研究は、ハマニンニク(*Leymus mollis*)のゲノムを解読し、その情報を元に作った多くのゲノムマーカーや、パンコムギの DArTseq マーカーを野生種に適用し、野生種染色体導入によるパンコムギ遺伝資源の拡大に関する基盤技術の開発を目的に行われた。その結果、染色体マーカーを用いる事なく、12種類のハマニンニク染色体添加パンコムギ系統を作成し、さらに、これら系統と既存のオオハマニンニク(*L. racemosus*)染色体添加系統の異種染色体の対応づけを行った。また、DArTseq マーカーに付加されているコムギの同祖群情報にもとづいて、これら2種のハマニンニク添加系統染色体の同祖群や種間・種内の同祖群の関係を解明した。さらに、既存の転座系統における転座点の解明や、すべてのハマニンニク属染色体を同定できるユニバーサルマーカーの発見など関連研究を行った。

この一連の研究に加え、コムギの DArTseq マーカーを利用して、コムギ・エギロプス属のゲノムの判定と分類を行い、倍数性進化を明らかにした。

これらの博士研究をまとめた論文は 6 つの章からなり、第 1 章は著論、第 2 章は文献の総説、第 3 章は材料と方法、第 4 章は結果、第 5 章は考察、第 6 章は結論、で構成されている。著論では今後のコムギ増産の必要性、気候変動下でのコムギ栽培、異種遺伝資源開発など今回の研究課題の妥当性を論じている。文献の総説では異種染色体導入、研究の方法論、ゲノム分析の方法について記し、結果の部分は、上述の研究内容の詳細を報告し、考察では結果に基づいて、本研究の有用性や適応範囲、ハマニンニク属やコムギ・エギロプス属の進化、異種染色体の命名法などについて述べている。

これらの論文はテーマごとに 3 分割され、3 報の公表論文にとりまとめられ、いずれもが、既に高いインパクトファクターをもつ学術雑誌に掲載されている。

本論文は、2018 年に完全解読された、パンコムギのゲノム情報をコムギ自身の研究だけでなく近縁野生種に適用でき、近縁種をパンコムギ育種の遺伝資源としてバリアなく拡大利用できることを示す内容である。研究内容は新規性が高く、また時宜にかなったものあり、学位論文としてきわめて高い価値を有するものであると判定できた。