

論文審査の要旨及び審査委員

(2, 000字程度)

報告番号	甲 第 23 号		氏 名	下村 道彦		
論文審査 審査委員	氏 名		職 名	氏 名		職 名
	主 査	本間 桂一	教 授	委 員	宮崎 均	教 授
	委 員	坂田 克己	教 授			
	中村 建介 齋藤 俊行	教 授 教 授				

ダイズ研究においては、その遺伝子構造や機能解析であれば、既に解読され発表されているダイズゲノムWilliams 82 品種の使用で十分である。しかし、ダイズの育種ではDNA マーカーを使用した育種が行われており、国内での育種は日本産品種同士の掛け合わせになることが多い。Williams 82 ゲノムと日本産品種ダイズは同じダイズ種ではあるが系統が離れているため、Williams 82 から得られたDNA マーカーが使用できない場合がある。このため、国産ダイズ品種エンレイのゲノム構築・解析が必要である。またカイコにおいては、ゲノム研究プロジェクトが推進されている。プロジェクトで得られたゲノム情報や関連する研究の情報をまとめ、効率的に研究に役立つ情報を取り出す仕組みが必要である。

申請論文は、農業生物のゲノム情報解析における二つの課題を見出し、それらの課題を実際のゲノム研究を通し解決して見せた。第一は、国際的なモデル品種と国産品種との系統の差異により、モデル品種のゲノム情報が国産品種の品種改良に十分ではなかったという課題で、ダイズの研究において見られた課題であった。第二は、ゲノム解析で得られたデータが大量かつ多様で、応用研究で十分に活用しきれないという課題で、カイコの研究において見られた課題であった。本研究では、第一の課題に対しては、国産品種ダイズであるエンレイ品種のゲノム配列を解読し、更に配列データを統合したデータベースを開発し、応用研究に利用できる枠組みを構築した。第二の課題に対しては、カイコゲノム配列、ゲノム地図情報及び発現シーケンスタグデータを統合したカイコベースと呼ばれる web データベースを開発し、配列やキーワード検索、変異体情報、タンパク質情報との連携利用が図れる枠組みを構築した。

論文は4章から構成されており、その概要は以下の通りである。第一章では、ゲノム研究の動向、ゲノム解読やゲノム情報解析を支える技術の背景と動向を示した後、本研究の研究目標と研究戦略を述べた。第二章では、国産ダイズゲノム解析を実施し、栽培品種エンレイのゲノムを解読した研究について述べた。その研究では、次世代シーケンサを用いて得られた全ゲノム配列を、栽培品種Williams 82 ゲノムにマッピングして、エンレイゲノムの塩基配列を決定した。その解析により遺伝子モデルを得、系統関係を考察した。エンレイとWilliams 82 を比較し、両品種の違いを示した。また、登熟期の子葉のプロテオームから全体的なプロファイル进行分析した。配列データは、DAIZUbase に統合化し利用可能とした。第三章では、効果的なデータマイニングとゲノム応用のためのカイコゲノム情報を提供するカイコゲノム統合データベースKAIKObase の開発について述べた。KAIKObase に、カイコゲノム配列、ゲノム地図情報およびEST データを統合した。KAIKObase は、塩基配列、遺伝子、スキップフォルド、染色体の各段階のデータを表示した。さらに、プロテオームデータ用のKAIKO2DDB と *Bombyx trap* データベースの統合により、KAIKObase の機能を強化した。第四章では、結言として本研究の成果について纏めている。

博士学位論文の予備審査においては、審査員から多様な意見や修正依頼があった。中でも予備審査時の論文題目である「農林水産生物のゲノム情報解析研究」では、テーマの内容が広すぎとの意見が提出され、これを反映して「農業生物のゲノム情報解析研究 —国産品種ダイズのゲノム配列解析とカイコゲノムデータベースの開発—」と改題された。また研究の基本となる遺伝子の定義が不明瞭であり、記述の修正が必要であることも指摘された。その他多くの意見と修正依頼が出されたが、その後論文題目の変更を含む論文全体において適切な修正が行われた。本申請論文はダイズの品種改良、養蚕の改善や新しい害虫駆除手法研究に繋がる非常に有用な研究成果であると思われる。

以上のような博士学位論文の審査結果を踏まえ、併せて申請者の既発表論文の内容や最終審査における質疑応答、最終試験の結果から総合的に評価し、博士学位論文として合格と判断した。