

論文審査の結果の要旨

報告番号	博（生）乙第6号	氏名	沖本 宜音
学位審査委員会		主査	原 研 治
		副査	小 田 達 也
		副査	北 村 等
		副査	橘 勝 康
		副査	長 富 潔
<p>・論文審査の結果の要旨</p> <p>沖本宜音氏は、平成11年3月 下関水産大学校を卒業後、全国海苔貝類漁業協同組合、（株）山本海苔店、独立行政法人中央水産研究所派遣研究員を経て、平成14年4月長崎大学大学院生産科学研究科（博士後期課程）海洋生産科学専攻へ入学した。その後、平成17年3月に単位取得退学し、現在に至っている。</p> <p>同氏は、本研究科に入学以降、国内マガキの遺伝的多様性の把握を目的として、マガキのミトコンドリアDNA(mtDNA)から調節領域を同定し、国内産マガキの集団遺伝構造解析を行ってきた。その成果を、平成17年12月に主論文「マガキのミトコンドリアゲノム推定調節領域における比較遺伝学的解析」を完成させ、印刷公表論文6編（査読付4編）を添えて長崎大学大学院生産科学研究科教授会に博士（水産学）の学位を申請した。</p> <p>長崎大学大学院生産科学研究科教授会は、平成17年12月21日の定例教授会において論文内容の要旨を検討した結果、学位申請の提出資格ありと判定し、上記の委員会を選定した。委員は主査を中心として、その論文内容を慎重に審査し、公開論文発表会を行わせるとともに、口頭による専門分野に関する質疑を行って最終試験とし、審査結果および最終試験結果を平成18年2月15日の研究科教授会に報告した。</p> <p>提出された論文は、国内マガキの遺伝的多様性の把握を目的として、マガキの mtDNA から調節領域を同定し、国内産マガキの集団遺伝構造解析により、該当領域は高精度な分子遺伝マーカーであることを明らかにしたものである。</p> <p>第1章では、我が国における養殖マガキの遺伝学的問題点を分析した。マガキは、原産地の東アジアを中心に生産されており、水産養殖軟体動物生産量の世界第1位を占めている。しかし長期に亘る養殖生産により漁場が疲弊し、その対策として他産地から種苗が移殖されてきたために遺伝的多様性の攪乱が危惧されており、将来に亘り安定的かつ持続的なマガキ生産には遺伝的多様性に基づいたマガキ集団の資源管理が期待されていることを述べた。</p> <p>第2章では、国内産マガキの遺伝的多様性に関する知見を分析するとともに、バージニアガキの集団遺伝構造の解析知見を参考にして、マガキ mtDNA 非翻訳領域をPCR-RFLP解析した。しかしながらこの解析では集団間の差異は認められなかった。マガキには</p>			

mtDNA 非翻訳領域が複数存在する上、多型性が高く集団遺伝構造の解析に最適とされている mtDNA 調節領域は未だ同定されていないことから、先ず、マガキの同領域の同定が必要であることを述べている。

第3章では、マガキの比較的大きな3つの mtDNA 非翻訳領域 (CR1, CR2 及び CR3 領域) において、国内4産地 (宮城、広島、長崎及び宮崎産) のマガキ計120個体を対象とし、mtDNA 調節領域の構造特性を解析した。その結果、CR2 領域のみが CD, VD1, VD2 の3つの部位に分割でき、さらに VD1 には2種の TAS, CD には CSB1 がそれぞれ確認された。このことより、CR2 領域のみが mtDNA 調節領域の構造特性を保持していることを明らかにした。

第4章では、第3章と同様の試料を対象とし、CR1, CR2 及び CR3 領域の塩基変異特性を解析した。その結果、CR2 領域では1) 転位/転換比は1.3 (長崎産) ~1.7 (宮城産)、2) 塩基変異率は5.16 % (宮城産) ~10.31 % (宮崎産)、3) 4産地における変異塩基は5' 末端部で30, 3' 末端で29と多く出現し、一方、中央付近で5と保存性が高かった。本結果からも、CR2 領域のみが mtDNA 調節領域の塩基変異特性を保持していることが明らかとなった。

第5章では、第3章及び第4章において構造特性及び塩基変異特性からマガキの mtDNA 調節領域であると同定された CR2 領域を指標とし、第3章と同様の試料を対象としてハプロタイプ多型性と分子系統樹により国内4産地の集団遺伝構造を解析した。ハプロタイプ解析の結果、全120個体から合計91ハプロタイプが得られ、ハプロタイプ多様度 ( $h$ ) は0.965, ユニークハプロタイプ率は92.3%と著しく多型性が高いことを明らかにした。ハプロタイプ間の遺伝距離は、各産地内では0.675 (宮城産) ~1.132 (宮崎産) と宮崎産が最も高く、さらに天然グループ (長崎及び宮崎産, 1.192) が養殖グループ (宮城及び広島産, 0.744) より高い遺伝的多様性を保持していた。また遺伝距離から作成したUPGMA分子系統樹では、宮崎産と他の3産地の間には遺伝的な隔たりが示唆されたことから、国内産マガキは遺伝的に異質な少なくとも2グループにより構成されていることを明らかにした。

第6章では、本研究で同定した mtDNA 調節領域のマガキ集団遺伝構造解析における有効性及びその活用方法について検討した。マガキの mtDNA 調節領域は、ハプロタイプ解析の結果から、多型性が著しく高い個体識別レベルのマーカであることが示唆された。さらに変異塩基の出現位置に産地に特徴的な偏りが確認されたことから、集団識別にも有効であることが示唆された。また、二枚貝類の mtDNA 調節領域の分子進化速度が著しく高いことが明らかになった。さらに、マガキ資源の安定的かつ持続的な再生産に関しては、mtDNA 調節領域を指標とした集団遺伝構造解析により、集団内や集団間における遺伝的多様性の詳細な把握が可能となり、遺伝的多様性に基づいた資源管理体制の実現に資するであろう。一方、近年輸入マガキの流通量が増加している我が国では、マガキの原産地識別技術の開発が強く求められているが、mtDNA 調節領域の解析で得られた個体識別レベルのハプロタイプを産地や集団毎でデータベース化することにより、市場に流通しているマガキ製品の原産地識別やトレーサビリティの確保に資するものと期待される。

以上のように、本論文は、二枚貝では初めてマガキ mtDNA から調節領域を同定し、高度な分子遺伝マーカーであることを解明したことより、二枚貝の集団遺伝構造解析の進歩に貢献するものであることを認め、博士 (水産学) の学位に値するものとして合格とした。