

論文 / 著書情報
Article / Book Information

題目(和文)	レトロポゾンの挿入比較に基づく水鳥類の系統解析
Title(English)	
著者(和文)	蔵本多恵
Author(English)	Tae Kuramoto
出典(和文)	学位:博士(理学), 学位授与機関:東京工業大学, 報告番号:甲第10084号, 授与年月日:2016年3月26日, 学位の種別:課程博士, 審査員:梶川 正樹,木村 宏,本郷 裕一,田中 幹子,二階堂 雅人,岡田 典弘
Citation(English)	Degree:., Conferring organization: Tokyo Institute of Technology, Report number:甲第10084号, Conferred date:2016/3/26, Degree Type:Course doctor, Examiner:,,,,,
学位種別(和文)	博士論文
Category(English)	Doctoral Thesis
種別(和文)	審査の要旨
Type(English)	Exam Summary

論文審査の要旨及び審査員

報告番号	甲第		号	学位申請者氏名	蔵本 多恵	
		氏名	職名		氏名	職名
論文審査 審査員	主査	梶川 正樹	講師	審査員	二階堂 雅人	准教授
	審査員	木村 宏	教授		岡田 典弘	名誉教授
		本郷 裕一	教授			
		田中 幹子	准教授			

論文審査の要旨 (2000 字程度)

本論文は「レトロポソンの挿入比較に基づく水鳥類の系統解析」と題され、全3章から構成されている。

第一章では本研究の基礎である系統学について、その歴史的背景や系統解析手法について説明がなされている。特に、本研究で用いられているレトロポソン法については、レトロポソンの挿入の性質や、系統解析の指標としての利点、他の系統解析手法との比較、また、実際に解析に利用したレトロポソンの一種である CR1 について詳細に述べられている。さらに、従来のレトロポソン法における問題点を示し、その解決策として本研究で新たに導入した次世代シーケンサー技術 (NGS) についても解説している。

第二章は大別して鳥類の系統解析に関する説明と、実際に行った実験手法の解説及び結果から構成されている。鳥類の系統解析については、まず鳥類の起原及び分類について解説し、続いて現在まで行われてきた鳥類全体の系統解析について説明している。しかる後に本研究で着目した水鳥類の系統解析について、どのような問題点が存在するのかを提示し、それらを解決するという本研究の目的及び解決のための手法について述べている。実験手法については、実験に用いたサンプルを紹介し、NGS やゲノムデータベースを利用した CR1 探索法及びレトロポソン挿入解析法について解説している。結果については、まず NGS を利用した探索から単離された CR1 挿入座位について、各種鳥類ゲノムにおける挿入比較を行った結果を示している。ここでは水鳥類の単系統性と水鳥類の内最初に分岐した系統群がアビ目である事が強く支持されている。また、形態学から提唱されていたコウノトリ目とペリカン目の単系統性及びその系統群からコウノトリ科が最初に分岐した事が支持され、これにより特に不明瞭だったコウノトリ科の系統的 위치が確定されている。さらに、ペリカン科+サギ科+トキ科の単系統性、ミズナギドリ目とペンギン目の単系統性についても示唆されている。加えて、他の系統情報を持つ挿入とは矛盾する CR1 についても言及されている。続いて、ペリカン科、サギ科、トキ科、カツオドリ上科について行われたゲノムデータを利用した CR1 挿入解析結果が示されている。ここでは上記4系統群の内カツオドリ上科が最初に分岐した事が強く支持されている。その結果と矛盾する挿入についても報告されている。さらに、ペリカン科、サギ科、トキ科の系統関係についてはペリカン科+サギ科の単系統性が示唆され、それと矛盾する挿入としてサギ科+トキ科の単系統性を示唆する CR1 が単離された一方でペリカン科+トキ科の単系統性を示唆する CR1 は皆無であるという特異な結果が示されている。

第三章では第二章で述べられた結果についての考察が成されている。始めに他の結果と矛盾する挿入が示唆する事柄について説明されている。ここでは、矛盾から導き出される水鳥類の分岐速度や、ペリカン科、サギ科、トキ科の系統関係を示す挿入で見られた矛盾から示唆される、これら三科における種間交雑の可能性が示されている。続いて、本研究で導入された NGS を利用した探索技術について、系統解析への有効性について解説している。また追加的な情報として、単離された挿入 CR1 の属するサブファミリーや、種特異的とされる挿入の今後の系統解析への利用の可能性を示している。最後に、本研究結果と先行研究結果との比較を行っている。ここではレトロポソン法と他の分子系統解析法の評価を行うことで、データ量の重要性やレトロポソン法の有効性を示している。さらに、本研究で確定されたコウノトリ科の系統的 위치と、形態学的解析による先行研究結果との比較からは、水鳥類における収斂進化の可能性と、今後の形態学的解析に対する提言が成されている。

以上を要するに、本論文では従来のレトロポソン法に NGS 技術やゲノム情報解析を導入することで、これまで不明瞭だった水鳥類の系統関係を明らかにしたものであり、理學上貢献するところが大きい。よって、本論文は博士 (理学) の学位論文として十分な価値があるものと認められる。