

氏名	落 合 利 紀
授与した学位	博 士
専攻分野の名称	農 学
学位授与番号	博甲第 2056 号
学位授与の日付	平成12年 3月25日
学位授与の要件	自然科学研究科生物資源科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)
学位論文の題目	分子マーカーによるサトイモ(<i>Colocasia esculenta</i> (L.) Schott) とその近縁種における類縁関係の評価
論文審査委員	教授 国枝 哲夫 教授 武田 和義 教授 田原 誠

学 位 論 文 内 容 の 要 旨

サトイモ(*Colocasia esculenta* (L.) Schott)とその近縁種(*Schismatoglottis*, *Xanthosoma*及び *Alocasia*)について、(1)葉緑体DNAのRFLP分析、(2)葉緑体DNAの非翻訳領域の塩基配列の解析を行い、これらの類縁関係を明らかにした。次に(3)東アジアを中心に採集したサトイモについてRAPD分析を行い、その地理的分化を調査した。さらに(4)*Colocasia*属と *Alocasia*属との交雑後代についてRAPD分析とGISH 分析を行い、その雑種性と染色体の来歴を確定した。

(1)葉緑体DNAのRFLP分析では、従来の形態による分類と一致する結果を得た。また、*C. gigantea*が *Alocasia*属に近縁であることが示唆され、この種についての分類を再検討する必要性を示した。さらに、属間あるいは種間雑種とされている系統の母親が *Colocasia*属の植物であることを示唆した。

(2)葉緑体DNAにおけるtrnL-trnFの遺伝子間領域(IGS)及びrpl16-rpl14のリンカー領域について塩基配列を調査した。trnL-trnFのIGSでは、55の変異が確認され、これをもとに *Schismatoglottis*、*Xanthosoma*及び *Colocasia/Alocasia*の系統発生の関係を明らかにした。しかし、種内変異は少なく、また、rpl16-rpl14のリンカー領域では、種間及び属間においても全く変異が存在していなかったため、*C. esculenta*種内の分析には適用できなかった。

(3)サトイモについてRAPD分析を行い、その結果をアイソザイムによる分析と比較することにより、中国雲南省、ネパールなどの採集地域において地理的分化が進んでいることや、雲南省がサトイモの東アジア温帯地方の二次的起源であることを示唆した。

(4)*C. esculenta*と *A. brisbanensis*の交配により得られた3倍体雑種個体についてRAPD分析を行い、真の属間雑種であることを確認した。また、体細胞染色体でのGISH分析により、母親 *C. esculenta*が非還元配偶子を供給することによって形成されたことを示した。

論文審査結果の要旨

本論文は、根菜として重要なサトイモ(*Colocasia esculenta* (L.) Schott)を対象に、近年開発された分子生物学の方法を利用して、サトイモとその近縁種であるハスイモ(*C. gigantea*)、クワズイモ(*Alocasia*)、アメリカサトイモ(*Xanthosoma*)及び*Schismatoglottis*などを対象に、遺伝・進化の関係を解析し、併せて東アジアにおけるサトイモの地理的な分化を検討したものである。本論文は、まず、葉緑体のDNAについて、1)制限酵素断片長の多型(Restriction fragment length polymorphism, RFLP)と2)非翻訳領域(*trnL-trnF*の遺伝子間及び*rpl16-rpl14*のリンカー)における塩基配列の変異を調査した。その結果、種以上の分類単位では、明確な系統進化の関係が得られた。その関係は、従来の形態分類に基づくものとほぼ一致したが、これらの分子マーカーには、種内変異が少なく、サトイモ種内の分析には適用できなかった。そこで、3)中国雲南省、ネパールなど東アジアを中心に採集したサトイモについて、Bex社のCommon primerを用いてRAPD(Random amplified polymorphic DNA)分析を行い、アイソザイムによる分析結果と比較検討した。その結果、分析原理の異なるこれら2つの方法のいずれにおいても、遺伝的類似度の高い幾つかのグループに同じサトイモの系統が含まれ、サトイモ種内の遺伝分析が可能であることが示された。これにより、中国雲南省、ネパールなどの採集地域において地理的あるいは倍数性による分化が進んでいることが明かにされ、また、雲南省がサトイモについて、日本など東アジア温帯地方の二次的起源である可能性も示された。なお、本論文は、更に、4)*C. esculenta*と*A. brisbanensis*の交配により得られた3倍体個体についてRAPD及び染色体のGISH(Genomic *in situ* hybridization)分析を行い、この個体がサトイモの非還元配偶子(卵)に由来する属間雑種であることを示した。

本論文は、サトイモとその近縁種について、複数の分子生物学的手法を用いた最初の研究であり、また、サトイモの遺伝・進化関係や東アジアにおけるサトイモの地理的な分化について重要な知見を提供しており、博士(農学)に値する論文であると判断した。