The University of Osaka
Institutional Knowledge Archive

Title	Development of quantitative chromosome maps and their utilization for visual analyses of genome information in higher plants
Author(s)	Ito, Mikako
Citation	大阪大学, 2001, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.11501/3184316
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

https://ir.library.osaka-u.ac.jp/

The University of Osaka

【25】

氏　　名	伊　藤　美佳子（いとう　みかこ）
博士の専攻分野の名称	博　士（工　学）
学　位　記　番　号	第　16191　号
学位授与年月日	平成13年3月23日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当 工学研究科応用生物工学専攻
学　位　論　文　名	Development of quantitative chromosome maps and their utilization for visual analyses of genome information in higher plants （高等植物における定量的染色体地図の作成とそれに基づくゲノム情報の可視的解析）
論　文　審　査　委　員	（主査） 教　授　福井　希一 （副査） 教　授　小林　昭雄　　教　授　遠藤　隆（京都大学大学院） 教　授　原島　俊　　教　授　卜部　格　　教　授　室岡　義勝 教　授　菅　健一　　教　授　塩谷　捨明　　教　授　吉田　敏臣 教　授　関　達治　　教　授　金谷　茂則　　教　授　二井　將光

論　文　内　容　の　要　旨

本論文は、3種の高等植物において、画像解析による定量的染色体地図を作成し、その地図上に遺伝子のマッピングを行うというゲノム情報の可視化法による研究をまとめたものであり、緒言、本論3章、総括からなる。

第1章の緒言では、本研究の背景と目的、およびその意義について記述した。

第2章では、ホウレンソウ（*Spinacia oleracea*）の染色体を濃縮パターンにより識別・同定を行い、画像解析法を用いて定量的な染色体地図を作成した。また45Sおよび5S rDNAをFluorescence *in situ* hybridization（FISH）法により染色体上に位置付けた。これによりホウレンソウにおいて初めてFISH法を用いて2種のrDNAの染色体上の位置を明らかにした。

第3章では、高等植物のモデルとしてゲノムプロジェクトが進められているアラビドプシス（*Arabidopsis thaliana*）を材料に用いた。アラビドプシスの染色体は非常に小型であるが、前中期に現れる不均一な凝縮パターンにより特徴付けを行い、定量的染色体地図を作成した。また45Sおよび5S rDNAのFISHによるシグナル位置を定量し、正確な位置情報として染色体地図上へマッピングを行った。

第4章では、高等植物におけるゲノム解析の次のモデル候補であるマメ科のミヤコグサ（*Lotus japonicus*）を用い、初めにゲノム情報の基本として2種のアクセション、ミヤコジマとギフのゲノムサイズの測定をフローサイトメトリにより行った。次に前中期染色体の濃縮パターンにより定量的染色体地図を作成した。その結果ミヤコジマのいくつかの染色体末端に反復配列の集積と考えられる凝縮部位が認められ、アクセション間で核型が異なることが明らかになった。さらにrDNAの染色体地図への位置付けにより、ミヤコジマとギフの凝縮型による対応染色体の確認を行った。

最後に、以上で得られた知見を総括し高等植物の染色体研究の将来の展望について記述した。

以上、3種の植物について、画像解析法に基づき、ゲノム情報を位置付けることが可能な定量的染色体地図を作成した。この地図は実際の染色体構造を反映しているものであり、今後種々の遺伝子やDNAマーカーの染色体上への物理的マッピングに利用することができる。

論文審査の結果の要旨

本論文は、ゲノム解析研究の進捗状況の異なる3種の植物において、ゲノムサイズの決定と染色体の識別・同定を行い、画像解析による定量的染色体地図を作成し、FISH法により遺伝子のマッピングを行ったものである。

以上のように、本論文により明らかにしたゲノムサイズおよび定量的染色体地図は、ゲノム解析ならびに分子細胞学的研究を進める上で不可欠な情報であり、またゲノム解析の進行程度に関わらず利用できる染色体地図は、植物のゲノム情報を位置付ける基盤として大きく貢献するものである。したがって本論文は博士論文として価値あるものと認める。