

学位論文要旨	
氏名	ツェリン ペンジョール
題目	核および葉緑体ゲノムの塩基配列によるブータン在来系統を含むカンキツ属および近縁属の遺伝的関係の解明 (Elucidation of genetic relationships of <i>Citrus</i> and its relatives including Bhutanese accessions based on sequence of nuclear and chloroplast genomes)
<p>カンキツとその近縁属はミカン科ミカン亜科に属する経済的に重要な果樹である。本研究では多数(22属 100系統以上)の材料を供試し、サンガー法による葉緑体の <i>rbcL</i> および <i>matK</i> の塩基配列、次世代シーケンサーによる RAD-Seq/ddRAD-Seq 分析によってそれらの遺伝的関係を検討した。</p> <p>葉緑体の <i>rbcL</i> および <i>matK</i> の分析で得られた類縁関係は、形態的特性による Swingle・Reece のミカン亜科の分類をほぼ支持するものであった。ミカン亜科はワンプ連およびカンキツ連に区別することが可能で、これも Swingle・Reece の分類システムと一致した。一方、得られたデータはフェロニア属とカンキツ属が近縁であるという最近の報告とは一致しなかった。ゲッキツ属は種内の多様性が大きく、一部の種はメリリア属と近縁であった。カンキツ属についての葉緑体の <i>rbcL</i> および <i>matK</i> の分析結果は、カンキツの基本種がシトロン、ブータンおよびマンダリンであるとする従来の説と一致した。しかし、この分析ではキンカン属およびカラタチ属からカンキツ属を区別することはできなかった。</p> <p>カンキツ属はインド北東部のアッサム地方から中国南西部の雲南省を起源とすると考えられている。ブータンはこれらの地域に含まれるので遺伝資源が豊富なことが期待される。そのため、ブータン全土において自生および在来カンキツ遺伝資源を調査・収集し、それらの分布と形態的特性を明らかにし、さらに葉緑体の <i>rbcL</i> および <i>matK</i> のデータを用いてブータン在来カンキツの遺伝的特性を評価した。また、世界に先駆けてブータン自生のイーチャンパペダを発見し、これが佐賀大学農学部保存のイーチャンパペダと明確に区別できることを解明した。さらに、ブータンで「カガティ」と呼ばれるライムがメキシカンライムと異なることを <i>matK</i> 分析によって明らかにした。RAD-Seq 分析によるヘテロ接合性の保存性の点から、ライムはブータン型とメキシコ型に区分することが可能となった。このブータン型ライムをヒマラヤンライムと呼ぶことを提唱した。ブータン在来系統を含む 44 系統を ddRAD-Seq で分析した。この分析の結果は、シトロン、ブータン、パペダおよびマンダリンを 4 基本種とする最近の考えを支持した。ddRAD-Seq によって、ヒマラヤンライムはマンダリンとシトロンの雑種、メキシカンライムはパペダとシトロンの雑種であることがわかった。ヒマラヤンライム以外にも、基本種間の雑種によって生まれた、未報告の系統を見つけた。</p>	