

学位論文審査結果の要旨	
学位申請者 氏名	Tshering Penjor
審査委員	主査 鹿児島大学 教授 山本 雅史
	副査 佐賀大学 准教授 永野 幸生
	副査 佐賀大学 准教授 古藤田 信博
	副査 佐賀大学 教授 穴井 豊昭
	副査 鹿児島大学 教授 橋本 文雄
審査協力者	佐賀大学 元教授 松本 亮司
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世界・日本で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について検討した。</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 ワンピ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 の分類システムとほぼ一致した。ただし、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。真正カンキツ類はカンキツ属、キンカン属およびカラタチ属とマイクロシトラス属およびエレモシトラス属に大別</p>	

できた。カンキツ属についての葉緑体の *rbcL* および *matK* の分析結果は、カンキツの基本種がシトロン、ブントンおよびマンダリンの 3 種類であるとする従来の説と一致した。

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。ブータン王国はこれらの地域に含まれるので遺伝資源研究において極めて重要な地域である。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の調査・収集を実施し、それらの分布と形態的特性を明らかにした。さらに葉緑体の *matK* 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、その独自性および貴重性を明らかにした。イーチャンパペダにおいては、世界に先駆けてブータンにおける自生樹を発見し、これが佐賀大学農学部に保存される中国に自生するイーチャンパペダと明確に区別できることを解明した。また、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 *matK* 分析によって明らかにした。さらにRAD-Seq分析によるヘテロ接合性の保存性の点から、ライムをブータン型とメキシコ型に区分することに成功し、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。続いてddRAD-Seqによって、ブータン在来系統を含む44系統を分析した。この分析の結果は、シトロン、ブントン、パペダおよびマンダリンをカンキツ属の4基本種とする最近のDNA分析の結果と一致した。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を証明した。ヒマラヤンライム以外にも、基本種間の雑種によって発生した未報告の系統を見つけた。

以上のように本研究は、葉緑体の *rbcL* および *matK* 遺伝子分析によるカンキツ属を含むミカン亜科植物の類縁関係の解明、ブータン王国全土における自生・在来カンキツ調査による新規遺伝資源の発見、*matK* 遺伝子分析およびRAD-Seq/ddRAD-Seq法によるそれらの遺伝的独自性および特性の解明に成功したものであり、極めて価値が高い。よって、本論文は博士（農学）の学位論文として十分に価値のあるものと判定した。