

審査の結果の要旨

氏名 ムホンジャ リナ

本論文は5章からなり、第1章は本研究の解析対象であるクワについて、一般的な序論が述べられている。具体的には、シルク・養蚕との関わりにおけるクワの重要性、クワの生産、クワの分類、新品種作出のための育種、クワの実等の利用、今後のクワの利用法と研究の意義、全体的な目的と研究仮説等について、クワ栽培やクワ品種開発における背景等を交えて述べられている。さらに、過去の文献情報に基づいて、各クワ種の世界における分布状況、クワの成長と生産における気候的な要因、クワの経済的効果、各クワ種の分類とこれまでに考えられている系統関係、クワの形態的特徴および遺伝的特徴、クワのゲノム解析および DNA マーカーの開発、クワにおける遺伝子機能解析等に関する先行研究について詳しく述べられている。第2章以降においては、本研究で実施した各解析の結果が述べられている。第2章では各クワ品種の分類への活用を目的として、クワの形態的特徴を解析した結果について述べられている。具体的には、農業生物資源ジーンバンクで維持されているクワ56品種(2倍体)を解析対象としており、日本、中国、インド、タイ、ケニアに由来するクワ種(全7種および種未同定の‘Enbu’)において、クワのシュート(1本の茎とその茎につく葉)、葉、芽に関する各形態的特徴を計測して各種間の比較解析が行われた結果、各形態的特徴に基づいて各種を判別するのは難しいことが述べられている。第3章は DNA マーカーを活用したクワの分類を目的として、第2章の解析対象である各クワ品種について ddRAD-seq 解析を活用した系統解析が行われた結果が述べられている。ddRAD-seq 解析によりゲノムワイドで高精度な SNP マーカーが取得され、それらの有用な SNP マーカーを用いた系統解析が行われた結果、明確な単系統を構成するクワ種と、単系統がみられないクワ種がそれぞれ識別されたことが示されている。前者については地理的隔離との関連について述べられ、後者については中国からの導入種を中心とした高レベルの雑種化との関連について述べられている。更に、葉の形態的特徴との関連についても解析が行われ、leaf tip ratio が日本の在来種であるヤマグワにおける雑種化の程度を評価するユニークな指標となり得ることが述べられている。第4章では、第3章で系統解析が行われた各クワ品種について約5万個の SNP マーカーを用いて、品種・集団をいくつかの近似した部分ごとに切り分けるクラスタ解析の一つである Admixture 解析が行われた結果が述べられている。Admixture 解析の結果は、本論文における系統解析の結果を特徴付けるものとなっており、Admixture 解析に基づく各クワ品種の分類は第3章における系統解析と概ね一致していること、各クワ品種の雑種化の程度との関連等について述べられている。第5章はクワの各種解析に資する有用なゲノム情報として、論文提出者が今後ケニアでの養蚕において使用する予定であるケニア由来のクワ品種‘Enbu’を対象に行ったゲノム解読について述べられている。ゲノム解読は PacBio 社のロングリードシーケンサーおよび Dovetail 社のシカゴメソッドを活用したアセンブルにより行われ、得られたゲノム配列情報について遺伝子予測および遺伝子の機能アノテーションが行われた結果が述べられている。得られたゲノム配列情報は既存の中国クワ品種

（‘*Chuansang*’）のゲノム配列に対して配列のつながり具合が大きく向上しており、高精度なゲノム配列であることが示されている。さらに、予測遺伝子の機能アノテーションを中国クワ品種と比較して識別した特異的遺伝子について述べられている。

なお、本論文の第2章、第3章、第4章および第5章は、連携講座である応用生物資源学分野が設置されている国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構の山ノ内 宏昭、楊 静佳、桑崎 誠剛、横井 翔、亀田 恒徳、瀬筒 秀樹、上樂 明也との共同研究であるが、論文提出者が主体となって、各クワ品種の形態的データの計測、系統解析、*Admixture* 解析、ゲノム配列の決定および遺伝子アノテーションを実施して考察を行ったものであり、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

よって本論文は博士（生命科学）の学位請求論文として合格と認められる。

以上1, 800字