

[233]

氏 名（本籍）	はやし 林 恭 平（和歌山県）		
学 位 の 種 類	博 士（農 学）		
学 位 記 番 号	博 甲 第 5047 号		
学位授与年月日	平成 21 年 3 月 25 日		
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 1 項該当		
審 査 研 究 科	生命環境科学研究科		
学 位 論 文 題 目	DNA マーカーによるウメの遺伝的多様性解析		
主 査	筑波大学教授（連係大学院）	博士（農学）	山 本 俊 哉
副 査	筑波大学教授（連係大学院）	博士（農学）	森 口 卓 哉
副 査	筑波大学准教授（連係大学院）	理学博士	池 谷 祐 幸
副 査	筑波大学教授	農学博士	弦 間 洋

## 論 文 の 内 容 の 要 旨

ウメ (Japanese apricot, *Prunus mume* Siebold et Zucc.) は、バラ科サクラ属スモモ亜属に属する落葉小高木で、アジアの温暖な地域で栽培されている。原生地は中国中南部の山岳地帯で、日本には弥生時代に最初に持ち込まれたとされている。日本のウメは、果実を利用する実ウメと花を觀賞する花ウメに、便宜上分けられるが、これまでに共通の DNA マーカーを用いて実ウメと花ウメの遺伝的多様性を解析した報告は少なく、特に実ウメと花ウメの遺伝的な関連については、知見が限られていた。本研究では日本で栽培されている実ウメと花ウメを中心に中国や台湾産のウメも含め遺伝的な関係を、SSR (simple sequence repeat) マーカーを使って解析した。

日本由来の実ウメ 56 品種と花ウメ 55 品種、中国由来の 8 系統、台湾由来の 7 系統、タイ由来の 1 系統を含む 127 のウメ品種・系統について、SSR マーカーにより遺伝的多様性を評価した。モモやアンズで開発された 58 種類の SSR マーカーのうち、39 種類がウメで 1-2 本の増幅バンドを生じ、種を越えて利用可能であることが示唆された。そのうち、明瞭な増幅と高い多型性を示した 14 種類の SSR マーカーを選んで解析に用いた。14 種類の SSR マーカー（遺伝子座）でウメを解析した結果、155 の推定対立遺伝子（平均 11.1）が得られた。ヘテロ接合度の観察値 ( $H_o$ ) と期待値 ( $H_e$ ) は、それぞれ 0.29-0.88（平均 0.61）、0.32-0.92（平均 0.68）であった。ウメ 127 品種・系統とアンズ 3 品種で作成した樹形図では、1) アンズと豊後系のウメ、2) 台湾とタイ由来の系統、3) 日本と中国由来の実ウメと花ウメの 3 つのグループに大別された。本研究では、実ウメ、花ウメと中国産ウメの間に明確な遺伝的な差異は検出されず入り混じっていた。このことは、従来からの二つの仮説、『日本のウメは中国から伝来したこと』および『実ウメは花ウメ品種の中から選抜されてきたこと』を支持するものであった。

ウメと近縁であるアンズとニホンスモモの遺伝的多様性と類縁性を SSR マーカーで解析した。供試した 58 種類の SSR マーカーのうち、ウメでは 39 種類、アンズでは 40 種類、ニホンスモモでは 40 種類で、供試系統において 1 本あるいは 2 本の増幅産物が得られた。その中で、ウメ、アンズおよびニホンスモモ全てで増幅が認められた SSR マーカーは 36 種類あり、スモモ亜属内では高い汎用性が認められた。ウメ 27 品種、アンズ 19 品種、ニホンスモモ 22 品種の合計 68 品種について、明瞭な増幅と高い多型性を示した SSR マー

カーを選んで解析を行った。12 種類の SSR マーカー（遺伝子座）で解析した結果、181 の推定対立遺伝子（平均 15.1）が得られた。ヘテロ接合度の観察値（ $H_o$ ）と期待値（ $H_e$ ）は、それぞれ 0.42-0.82（平均 0.66）、0.76-0.92（平均 0.85）であった。本研究の SSR 分析による解析結果では、ウメ、アンズ、ニホンスモモを明確にグループ分けできた。種間雑種と考えられる品種は両者の中間に位置していた。

これまでに、ウメの三倍体の存在が文献に記載されてはいるが、品種の詳細は分かっていなかった。ウメの SSR 分析において、一遺伝子座に 3 つの推定対立遺伝子を持つ‘高砂’、‘芳流閣’、‘興津赤花’、‘茶寿’の花ウメ 4 品種を見出した。これら 4 品種はフローサイトメーターによる解析で三倍体であることが証明された。花の形態調査から、4 品種は花粉不稔や結実不良であった。さらに、‘高砂’や‘芳流閣’では、葯や孔辺細胞の器官が二倍体のウメに比べ有意に大きいなど、三倍体の持つ形態的特徴が観察された。

本研究により、ウメ、アンズおよびニホンスモモで共通に利用可能な SSR マーカーを見出し、日本のウメを中心とした品種について、遺伝的多様性や遺伝的関係の情報を得ることができた。また、ウメ、アンズ、ニホンスモモの遺伝的多様性と類縁性についての知見を得ることができた。さらに、これまでに詳細が知られていなかった三倍体のウメを見出し、形態的な特徴を明らかにした。今後、これらの情報は、ウメや近縁果樹の育種研究の推進に役立つとともに、DNA 鑑定による品種識別や親子鑑定などの実用場面での利用に貢献すると考えられる。

## 審 査 の 結 果 の 要 旨

本論文は、DNA マーカーによるウメおよび近縁果樹の遺伝的多様性の解析研究に関するもので、1) 日本由来の実ウメ品種と花ウメ品種、外国由来の品種についての遺伝的多様性の解析、2) 共通の SSR マーカーによるウメ、スモモ、アンズの遺伝的多様性や関係の解析、3) ウメの三倍体品種を同定し形態的特徴を明らかにしたものであり、いずれも初めての成果・知見である。特筆すべきは、従来からの二つの仮説、『日本のウメは中国から伝来したこと』、『実ウメは花ウメ品種の中から選抜されてきたこと』を分子マーカーにより検証したことである。これらは、育種学、遺伝学、分子生物学、園芸学、植物生理学を効果的に融合した学際的成果である。本研究の成果は、ウメを始めスモモやアンズなどの果樹類において、画期的新品種の育成のための極めて有効な基盤的手法を提案したという意味でも高く評価できる。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。