

氏名（本籍）	SAWITRI（インドネシア）		
学位の種類	博士（農学）		
学位記番号	博 甲 第 9699 号		
学位授与年月日	令和 2 年 9 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	Application of Advanced Genomic Technology to Improve Timber Productivity and Wood Quality of a Commercial Timber Species in Tropical Rainforest (熱帯雨林の一商業林業樹種の木材生産性及び材質向上のための先進的ゲノムテクノロジーの活用)		
主査	筑波大学教授（連携大学院）	博士（農学）	谷 尚樹
副査	筑波大学教授	農学博士	津村 義彦
副査	筑波大学教授	博士（農学）	上條 隆志
副査	筑波大学准教授	博士（農学）	立花 敏

論 文 の 要 旨

審査対象論文は、東南アジア熱帯雨林の主要林業樹種であるフタバガキ科樹種の一つである *Shorea platyclados* について成長と材質形質の遺伝子連関解析を行い、これらの形質に関連するゲノム領域を探索した上で、将来優良個体の選抜を可能とする観点から、遺伝子型から表現型を推定するモデルを検討したものである。

第 1 章で著者は、東南アジアの熱帯雨林と森林減少・劣化など顕在する問題点、林木における分子育種、分子育種を行うためのゲノム解析技術及び統計解析法、対象樹種である *S. platyclados* について概説した上で、森林減少・劣化が進み現存量の著しい低下が見られる熱帯雨林において、分子育種法を用いた熱帯林業樹種の有用個体の選抜が熱帯雨林の蓄積量の回復に有効であると述べた。

第 2 章で著者は、研究材料としたインドネシア中央カリマンタンに設定された *S. platyclados* の次代検定林の遺伝的特徴（遺伝的多様性、遺伝構造、連鎖不平衡）について調査を行った。本次代検定林は中央カリマンタンの林業会社コンセッション内の *S. platyclados* 母樹 77 個体からの自然交配種子を発芽させた 420 個体で構成されている。これら個体から採取された DNA を用いて Double Digest Restriction-site Associated DNA Sequencing (ddRAD-Seq) 法によりゲノム中の一塩基多型を抽出した結果、356 個体から 5,900 遺伝子座の一塩基多型を得た。近傍の連鎖を考慮し、強い連鎖が見られない 2,660 遺伝子座を用いて遺伝的多様性の大きさを計測した結果、本次代検定林は高いレベルの遺伝的多様性を保有していた。一方、明瞭な遺伝構造は見られなかった。さらに、全 5,900 遺伝子座を用いて各遺伝子座間の連鎖不平衡を算出したところ、連鎖不平衡の相関係数が 0.1 まで減衰する 2 遺伝子座間のゲノム上の物理距離は 145kb に達していた。高いレベルの遺伝変異、明確な遺伝構造がないこと、長い連鎖不平衡から、本次代検定林が遺伝子連関解析やゲノム推定に適した集団であると結論づけた。

第 3 章で著者は、成長に関わる形質として間伐前と間伐後の樹高及び胸高直径、樹形に関する形質として下枝高、下枝角、下枝の直径と胸高直径の比（枝直径比）、材質に関わる形質として材硬度と音波伝達速度の計

測を行なった。これらの表現型計測値を、空間構造解析により立木の植栽場所による変動を補正したのち、第2章で用いた5,900遺伝子座の一塩基多型を用いて全ゲノム連関解析を行なった。各個体の遺伝構造と近縁度をモデルに組み込んだ混合線形モデルによって各遺伝子座と表現型値との連関を調べ、FDR (False Discovery Rate) によって有意性を評価したところ、間伐前の樹高で1遺伝子座のみが有意と評価された。そこで、著者は複数遺伝子座を同時に評価する混合線形モデルを活用することに取り組み、FASTmrMLMと呼ばれる手法を用いたところ、間伐前の樹高で5遺伝子座と最も多くの遺伝子座が有意に連関していることを確認した。他の形質においても2~3の遺伝子座で有意な連関が見られたが、樹形に関する形質である下枝高と下枝角では有意な遺伝子座は認められなかった。これらの結果から複数遺伝子座を同時に評価する混合線形モデルが有効であると結論づけた。

第4章で著者は、ベイズ法を用いた回帰モデルと機械学習を用いてゲノム推定モデルを作成し、その評価を行なった。用いた遺伝子座と表現型データは第3章と同一である。ゲノム推定モデルの作成と評価のために356個体の次代検定林を4つのグループに分け(各グループ89個体)、3グループをモデル訓練に用い、残り1グループをモデル評価に使用した(n-fold解析)。モデル訓練集団を用いて混合線形モデルによって連関解析を行い、各遺伝子座のp値を用いて、高い連関を示す遺伝子座を抽出した。ベイズ法を用いた回帰モデルでは間伐後の胸高直径において最も高いモデルの推定精度を示した。しかし、全般的に高い推定精度を持ったモデルを作成することは難しかった。機械学習を用いた場合には間伐後の胸高直径で最も高い推定精度を持ったモデルが作成された。回帰モデルと機械学習を比べた場合、機械学習の方が推定精度は良かった。また、著者は先行研究と比較し、連鎖不平衡や家系構造が推定精度に影響を与えていると考察した。さらに、全遺伝子座によって説明される表現型の分散(ゲノミック遺伝率)を算出した結果、成長にかかわる形質が他の形質よりも高いゲノミック遺伝率を示し、著者はこれらの形質が分子育種を行う上でポテンシャルが高いと結論づけた。

第5章で著者は、前章までの結果に基づいた総合考察を行なった。特に、熱帯雨林での林業樹種について、遺伝子連関解析やゲノム推定モデルを用いることで、生産性や品質の向上に寄与できる点を主張した。また、ゲノム推定モデルについて、本審査対象論文では高い推定精度が得られなかったが深層学習を導入することで、ゲノム推定モデルの精度の向上が可能であることを考察した。

審 査 の 要 旨

熱帯雨林の減少、劣化は林業生産物の減少により地域経済にとって深刻な問題となっているだけでなく、様々な生態系サービス、特に炭素ストック機能の劇的な低下は気候変動問題を通して地球規模の問題となっている。従来、熱帯雨林では択伐と呼ばれる収穫手法によって天然林からある大きさ以上の立木を収穫する方法が取られてきたが、森林の減少・劣化によって十分な収穫ができず、生産林への転換が求められている。そこで、本審査対象論文は東南アジア熱帯雨林の林業樹種について初めて遺伝子連関解析とゲノム推定モデルの作成を試みた。複数遺伝子座を考慮した混合線形モデルにより多数の遺伝子座が表現系形質と連関していることを見出した。また、成長や材質に関わる形質でゲノミック遺伝率が高く、これらの形質が将来のゲノム育種において選抜のポテンシャルが高いことを示したことは高く評価できる。さらに、ゲノム推定モデルの作成を試み、熱帯雨林林業樹種の林木育種による社会実装に対して有効な知見を提供した。以上のように、本審査対象論文は、東南アジア熱帯雨林林業樹種の分子林木育種技術を通じた生産性の改善に寄与し、森林遺伝学分野における優れた研究成果として高く評価できる。

令和2年7月22日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のもとに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査委員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士(農学)の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。