

氏 名	TRAN PHUONG DUNG
授与した学位	博 士
専攻分野の名称	農 学
学位授与番号	博甲第6068号
学位授与の日付	2019年 9月25日
学位授与の要件	環境生命科学研究科 農生命科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)
学位論文の題目	Studies on genetic diversity of Japanese and Vietnamese melon germplasm by using molecular markers (分子マーカーを用いた日本及びヴェトナムのメロン遺伝資源の多様性に関する研究)
論文審査委員	教授 一瀬勇規 教授 加藤鎌司 准教授 西田英隆
学位論文内容の概要	
<p>Melon (<i>Cucumis melo</i> L.) is one of the most economically important horticulture crops. Broaden genetic base for breeding melon cultivars with high yield, high quality and disease resistant is required. Asia is one of diversity centers of melons. East Asia melons are accepted to be the divergence selection under the bottleneck effect. East Asia melons are characterized by two varieties <i>conomon</i> and <i>makuwa</i>. Japan is one of countries located in East Asia so that the Japanese traditional melon belongs to Groups <i>Conomon</i> and <i>Agrestis</i>, among which the latter is weedy, feral or free-living melon and has bitter taste. However, many F1 cultivars of netted melons are available which were established by utilizing various genetic resources of domestic and foreign origins and its structure has been known limited. Therefore, analysis of genetic diversity of Japanese melon is required. In our study, fifty-seven melon accessions from three horticultural groups were examined by using 24 RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA) primers. Japanese melons can be divided into two types (netted melons and group <i>Conomon</i>). Netted melon had close relationship with England glasshouse type which classified as var. <i>reticulatus</i>. Furthermore, our result confirmed that England glasshouse type established from the hybrids between European cantaloupe and Group <i>Inodorus</i> which is prominent by cultivar “Earl’s Favourite” – one of netted melons successfully adapted in Japanese condition. Meanwhile, group <i>Conomon</i> was formerly classified as var. <i>makuwa</i> and var. <i>conomon</i>, both of which have a long history of cultivation and utilization in East Asia.</p> <p>PCR-based markers, especially RAPD and SSR (Simple Sequence Repeats), have received much attention in melon diversity analysis; however, RAPD markers are dominant markers and incapable to detect heterozygote; also, difficult to reproduce RAPD profile between different laboratories due to their lack of specificity. In contrast, SSR markers often require high resolution and laboratory intensive techniques. Therefore, genetic diversity analysis requires a new type of marker targeted to specific sites and needs no manipulation of amplified products for polymorphism detection. We are successful to convert eight RAPD markers into RAPD-STS (Sequence Tag Site) markers which can be used for analysis of genetic diversity of melons. Two RAPD-STS markers A20 and B99 showed polymorphism with different sizes of fragment; while the remaining markers (A22, A31, A57, B15, B71 and C00) showed presence/absence polymorphism. Validation of these eight markers using 41 melon accessions indicated the applicability of them. However, the number of markers successfully converted was still limited, hence they are not enough to be applied as the independent set for genetic diversity analysis.</p>	

論文審査結果の要旨

本論文では、世界的に重要な園芸作物であるメロンについて、その育種基盤として重要な遺伝資源の有効利用を図るという観点から、分子マーカーを用いた解析により、特に日本及びヴェトナムのメロン遺伝資源における多様性、類縁関係を明らかにしている。

第2章では、日本在来のマクワ・シロウリ、ネットメロンの改良品種、及び改良品種の育成によく利用される国外のメロン品種、計47品種について、RAPD多型に基づくクラスター分析により類縁関係を検討し、以下の3点を明らかにしている。①アジアに固有のマクワ・シロウリと欧米に多いネットメロンは明瞭に遺伝的に分化している。②マクワとシロウリは異なる作物として利用されているが、遺伝的にはまったく分化しておらず、同一のジーンプールを共有している。③日本のネットメロンの基幹品種である”Earl’s Favourite”を含む英国温室系メロンについて、日持ち性に優れるフユメロン変種との雑種起源であることを示唆した。以上の結果により、日本のメロン育種においてよく利用されるメロン品種・遺伝資源の類縁関係を明らかにした。

ただし、第2章で利用したRAPDマーカーは再現性に難点があることから、第3章ではRAPDマーカーバンドの塩基配列を決定し、当該配列だけを特異的に増幅するプライマーを設計してRAPD-STSマーカー化が試みられている。18種類のRAPDマーカーバンドのうち8マーカーについてRAPD-STSマーカー化に成功し、さらにRAPD-STSマーカーを用いた系統分類により、ヴェトナムの在来メロンが大きく2つの集団からなることを確認しており、本マーカーの有効性を実証している。

日本で実用的に利用されているメロン品種や遺伝資源の類縁関係を明らかにしたこと、そして再現性に優れるRAPD-STSマーカー開発に成功していることから、本論文は学術的にもまた実用的にも価値が高いことが明らかであり、博士（農学）の学位を授与するに相応しいと判断した。