

氏名	堀内 綾乃		
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	7 5 1 2	号
学位授与の日付	2 0 2 6 年 3 月 2 5 日		
学位授与の要件	環境生命自然科学研究科 環境生命自然科学専攻 (学位規則第 4 条第 1 項該当)		
学位論文の題目	Evolution of fruit shape diversity in polyploid cultivated persimmon (倍数体栽培ガキにおける果実形状の多様性進化)		
論文審査委員	教授 後藤丹十郎	教授 平井儀彦	教授 門田有希 教授 牛島幸一郎
学位論文内容の要旨			
In contrast to animals, plant lineages have repeatedly experienced polyploidization throughout their evolutionary history, contributing to lineage-specific trait diversification, ecological adaptation, and crop domestication. In fruit tree crops, polyploidization is thought to have played a key role in the evolution of fruit development, composition, and morphology; however, the underlying genetic mechanisms remain poorly understood because of genome complexity and non-diploid inheritance. Cultivated oriental persimmon (<i>Diospyros kaki</i>) is a major fruit tree crop in East Asia and an autohexaploid species ($2n = 6x = 90$). Hexaploidization in <i>D. kaki</i> is associated with agriculturally important traits absent from closely related diploid species, including variation in fruit astringency and extensive intraspecific diversity in fruit shape. Although previous studies suggest that persimmon fruit-shape variation is regulated by persimmon-specific developmental pathways independent of those identified in tomato, the genetic basis of this diversity remains largely unresolved. This study aimed to elucidate the mechanisms underlying fruit-shape diversification in hexaploid persimmon and to establish a genetic framework for polyploid crops by integrating population structure analysis using genome-wide SNP data, GWAS of fruit traits, construction of a hexaploid reference genome, and comparative transcriptome analysis of bud-sport mutant lines. Using polyploid-aware analytical approaches, genome-wide quantitative genotypes were obtained from ddRAD-seq data for 173 cultivars, primarily from Japan. Population structure among Japanese cultivars was highly randomized and showed no clear associations with most fruit traits except astringency. GWAS accounting for allelic dosage identified several trait-associated loci, whereas genomic regions inferred to have undergone selective sweeps did not overlap with these loci, suggesting that fruit traits were established independently following polyploidization. To enable accurate genomic analyses, a high-quality reference genome was assembled for <i>D. kaki</i> cv. ‘Taishu’ using PacBio HiFi reads. The resulting assembly consisted of chromosome-scale pseudo-molecules corresponding to the basic chromosome number of <i>Diospyros</i> and contained 36,866 predicted genes, covering 94.5% of the core eudicot gene set. Furthermore, comparative physiological and transcriptomic analyses between the flat-fruited cultivar ‘Hiratanenashi’ and its round-fruited bud-sport mutant ‘Koshimaru’ revealed dynamic fruit-shape differentiation during early development. Differential expression and clustering analyses identified candidate regulatory genes, including a <i>WOX13</i> homolog, potentially involved in fruit-shape determination. Finally, population structure analysis of approximately 450 cultivars from China, Korea, and Japan identified five major genetic groups corresponding to East Asian geography. Strong associations between population structure and fruit traits were observed only for astringency, while other traits showed region-specific patterns. By integrating population genetics, genome assembly, GWAS, and comparative transcriptomics, this study provides new insights into the genetic and evolutionary mechanisms underlying fruit-shape diversification in hexaploid persimmon and establishes a foundation for genomic analysis of complex polyploid crops.			

論文審査結果の要旨

植物は進化の過程で繰り返しゲノム倍加（多倍性）を経験しており、これが種特有の形質多様化や環境適応、栽培化に大きく寄与してきた。東アジアの主要果樹であるカキ（*Diospyros kaki*）は、ゲノムが複雑な同質六倍体であり、二倍体の近縁種には見られない果実の渋みの変異や多様な果実形状を有している。しかし、その高度な多倍性ゆえに、果実形状の多様性を支配する遺伝的基盤は、モデル植物であるトマトなどで知られる知見とは独立した経路である可能性が示唆されつつも、長らく未解明のままであった。

本研究は栽培カキの果実形状多様化のメカニズムを解明することを目的としているが、栽培ガキは高次倍数体であり、既存の解析手法が必ずしも適用できるわけではない。まず、173品種のddRAD-seqデータを用い、対立遺伝子頻度を考慮した多倍体対応のGWAS解析を実施した。その結果、果実形質に関連する複数の遺伝子座を特定し、これらが多倍化以降に独立して成立した可能性を見出した。

次に、ゲノム解析の精度を高めるため、PacBio HiFiリードを用いてカキ品種‘太秋’の高精度ナリファレンスゲノムを構築した。これにより、36,866個の予測遺伝子を含む染色体スケールの配列を決定し、複雑な倍数体ゲノムにおける解析基盤を確立した。

さらに、扁平な‘平核無’とその枝変わり丸型の‘孝子丸’を用いた比較トランスクリプトーム解析を行い、果実発育初期におけるダイナミックな発現変動を明らかにした。この解析から、果実形状の決定に関与する可能性のある*WOX13*相同遺伝子を含む候補遺伝子群を同定することに成功した。

加えて、本研究で構築した‘太秋’ゲノムを参照配列として、日本、中国、韓国の約450品種を用いた集団構造解析を行った。東アジアの地理的分布に一致する5つの遺伝的グループを特定し、形質多様化の歴史的背景を考察した。

このように、本研究は集団遺伝学、ゲノムアセンブリ、GWAS、およびトランスクリプトミクスを統合することで、六倍体カキにおける果実形状多様化の遺伝的・進化学的基盤を提示した。この成果は、新規性はもちろんのこと、解析が困難であった複雑な多倍体作物のゲノム研究に新たな指針を与える重要な知見であると評価できる。

以上のことから、本論文の成果は博士（農学）の学位に値すると判定した。