

学位論文審査の結果の要旨

松 田 朋 子

本研究は、ハダニの種の識別に有効な DNA データベースを構築し、簡易的な識別法を確立すること、および精度の高いハダニ科の分子系統関係を推定して、形態による分類や系統仮説と比較・検討することを目的として行われた。その結果、ミトコンドリア DNA の cytochrome c oxidase subunit I (COI) 領域の塩基配列によって、日本産 *Tetranychus* 属ハダニ全 13 種と *Oligonychus* 属ハダニ 18 種中 17 種を識別できること、*Tetranychus* 属のカンザワハダニとニセカンザワハダニには、形態では区別できないが、遺伝的に分化している隠蔽種が存在する可能性を示した。次に、15 属 88 種の核 rRNA の 18S 領域と 28S 領域を用いてハダニ科の属間の系統関係を解析した結果、4 属が多系統群であったことから、形態の類似性によって分類されている属が、分子系統樹では必ずしも単系統にならないことを明らかにした。さらに 14 属 52 種を供試して行った高速シーケンサーによるトランスクリプトーム解析で得た核タンパク質コード遺伝子 188 個に基づく系統関係の推定では、分岐を支持する高いブートストラップ値によって 4 属がやはり多系統群であることを確認した。

本研究では、日本産ナミハダニ亜科の形態に基づく系統仮説が分子系統関係と一致しないことから、現在ハダニの属への分類に用いられている爪間体などの形態形質が系統を反映していない非相同な形質であることを明確に示した。この結果に基づいて、ハダニ科の分子系統関係を反映した分類体系を構築するには、分類形質の再検討が必要であることを提案した。

以上のように、本論文は、多くの新しい知見を有すること、論文の内容、構成および公表論文数が定められた規定を満たし、かつ優れていることから、本学位論文審査委員会は、全員一致して、本論文が博士(農学)の学位論文として十分価値があるものと判断し、合格と判定した。