

氏名(本籍)	もり わき じょう じ 森脇 文治(島根県)
学位の種類	博士(農学)
学位記番号	博乙第1969号
学位授与年月日	平成15年11月30日
学位授与の要件	学位規則第4条第2項該当
審査研究科	生命環境科学研究科
学位論文題目	日本産植物炭疽病菌 <i>Colletotrichum</i> 属の分子系統と分類に関する研究

主査	筑波大学教授	農学博士	柿  真
副査	筑波大学教授	農学博士	西村 繁夫
副査	筑波大学助教授	農学博士	山岡 裕一
副査	筑波大学教授	理学博士	徳  征二
副査	独立行政法人農業生物資源研究所主任研究官	農学博士	佐藤 豊三

### 論文の内容の要旨

植物炭疽病菌 (*Colletotrichum* 属菌) は、多くの植物の葉などに壊死斑や潰瘍を発生させたり、枝を枯死させたり、果実・種子の腐敗を引き起したりすることが知られている重要な病原菌である。古くは宿主植物にもとづいて種が記載されたために、数百種が報告された。1957年、von Arx は完全世代との関係や形態および病原性等により炭疽病菌の分類学的検討を行い、600以上の種を11種12品種に整理した。しかし、これらの種の中には形態および病原性において特異的な多数の系統が含まれており、これまでにいくつかの系統が種として独立させられている。現在では、一般にSutton (1992) の提案した38種1変種8分化型が暫定的に認められているが、今後の再検討により、さらに独立する種が増える可能性が指摘されている。また、形態的に類似する複数の種の炭疽病菌が同一植物に病原性を有する場合などがあり、種の同定が困難なことが多い。そこで、本研究では、日本産 *Colletotrichum* 属菌25種236株を供試し、分子系統学的な解析をもとに分類学的な再検討を行うことを目的とした。

リボソームDNAスペーサー (ITS) 領域の塩基配列の相同性にもとづき系統学的解析を行った結果、供試菌株は20のリボソームグループ (RG) に類別できた。さらに、ITS2および28SリボソームDNA D2領域に基づいた近隣結合法および最大節約法による分子系統解析を行い、各RG間の系統関係を明らかにするとともに、各RGを観察し、その形態的特徴を明らかにした。その結果、両者による分子系統樹の樹形はほぼ一致し、供試菌株は大きく3つの系統群に分けられた。また、各系統群は分生子の形態との相関関係が認められた。系統群1には分生子の両端が尖り、鎌形または紡錘形分生子を形成する種が、系統群2には分生子両端が鈍頭の *C. gloeosporioides* や *C. orbiculare* が、系統群3には小型の分生子を形成する *C. theae-sinensis* が含まれた。以上の系統学的解析結果および形態学的観察結果をもとに、分類学的検討を行った結果、以下のことが明らかとなった。1) *C. theae-sinensis* の28SリボソームDNAの塩基配列の相同性は *Colletotrichum* 属菌よりも *Discula* 属菌との間で高く、分生子の形態も *Discula* 属に類似していることから、*C. theae-sinensis* は *Discula* 属に転属させるべきと考えられた。2) 広義の *C. gloeosporioides* は系統的に異な

る3つのRGに分かれ、これらの間には形態的相違も認められたため、これらは3種とすることが妥当であると考えられた。そのうちの一つのRGに属する種については新種と認められたため、*C. boninense*と命名し記載した。本種は幅広で基部の尖った分生子を有し、PDA培地上の菌叢は淡黄色～橙色で、表面はフェルト状であるのが特徴である。3) 形態的に類似しているが、病原性の異なっていた*C. destructivum* (マメ科に寄生)、*C. higginsianum* (アブラナ科植物に寄生)、*C. linicola* (アマに寄生)の3種は系統学的解析の結果、同一のRGとなったため、同一種と考えられた。そのため、後者2種は前者の同種異名とした。なお、本種は接種試験により、病原性が異なる2系統が存在することが明らかとなったため、それぞれ*C. destructivum* f. sp. *curusiferum* (アブラナ科植物系統)、*C. destructivum* f. sp. *linum* (アマ系統)とすることを提案した。4) ネメシア、オミナエシ、ホウズキおよびアジサイから分離された菌株は*C. destructivum*とRGが一致し、また分生子や付着器の形態も類似していたため、*C. destructivum*と同定した。5) イネ科植物に寄生する炭疽病菌4種は、分子系統解析により単系統群となったが、それぞれ寄生する植物ごとに異なるRGとなり、宿主植物とともに共進化してきたことが明らかとなった。6) *C. graminicola*のトウモロコシ、ヒエ・メヒシバおよびC3植物から分離されたそれぞれの菌株は異なるRGとなり、また、これらは分生子や付着器の形態も互いに異なるため、それぞれ別種と考えられた。7) ソルガム、サトウキビおよびC4植物からそれぞれ分離した*C. sublineolum*、*C. falcatum*および*C. caudatum*もそれぞれ単独のRGとなり、それぞれ独立した種であることが確認された。8) *C. dematium*、*C. capsici*など鎌型分生子を形成する種を含む広義の*C. dematium*は3つのRGに類別され、系統的に異なるグループが存在することが認められたが、これらの形態による識別はできなかった。

以上のように、本研究では、分類学的混乱の生じていた日本産*Colletotrichum*属菌25種について、分子系統学的解析をもとに分類学的再検討を行い、これらを新種1種を含む20種に整理したものである。

## 審査の結果の要旨

植物炭疽病菌(*Colletotrichum*属菌)は、多くの農作物に寄生し、大きな被害を及ぼす重要な病原菌である。この病原菌は、寄生する植物が異なるごとに新種として記載されてきたため、かつては600種以上が知られていた。しかしこの病原菌は、形態的に識別できる分類形質が少ないため、研究者により、種の取り扱いが異なり、分類学的な混乱状態にあるのが現状である。また、このようなことから、この病気が発生した場合は、病原菌の種の同定が極めて困難となっており、防除にも支障をきたしている。そのため、本研究は、日本産*Colletotrichum*属菌25種について、多くの菌株を収集し、これらを供試して分子系統学的な解析を行い、この結果をもとに分類学的な再検討を行うことを目的としたものである。

リボソームDNAスペーサー(ITS)領域の塩基配列の相同性やITS2および28SリボソームDNA D2領域にもとづく系統学的解析を行った結果、供試菌株は3つの大きな系統群に分けられるとともに20のリボソームグループ(RG)に類別でき、さらに、各RGの形態的特徴や病原性を明らかにした結果、25種の供試菌株は、新種1種を含む20種に整理するのが妥当であると結論している。

以上のように、本研究では、分類学的混乱の生じていた日本産*Colletotrichum*属菌について、分子系統学的解析をもとに分類学的再検討を行い、明確な論理のもとに種を整理したものであり、*Colletotrichum*属菌の分類や同定にとって大変高く評価されるとともに、菌類の分類学的研究の発展に大きく貢献するものであると判断する。また、*Colletotrichum*属菌による病害が発生した場合、病原菌の識別が可能となり、その防除のための基礎研究としても大変重要である。

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。