

氏名	Siripom POTA		
学位の種類	博士（農学）		
学位記番号	博乙第 2813 号		
学位授与年月日	平成 29年 2月 28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	Phylogenic and Taxonomic Studies of <i>Phakopsora</i> Species on <i>Meliosma</i> and <i>Vitis</i> Species (<i>Meliosma</i> 属および <i>Vitis</i> 属植物に寄生する <i>Phakopsora</i> 属菌の系統と分類に関する研究)		
主査	筑波大学教授	農学博士	山岡 裕一
副査	筑波大学教授	博士（理学）	菅谷 純子
副査	筑波大学准教授	博士（農学）	岡根 泉
副査	筑波大学教授	博士（理学）	石田 健一郎

論 文 の 要 旨

本論文は、分子系統解析によって、ブドウさび病菌およびそれに関連する菌群中に検出されていた隠蔽種や未知種について、生活環、寄生性、形態形質を比較することにより分類学的位置づけを決定し、この菌群の分類学的整理を行ったものである。

さび病菌の1種、*Phakopsora euvitidis* は、栽培ブドウにさび病を引起す重要な植物寄生菌である。このさび病菌は、夏孢子・冬孢子世代をブドウ属 (*Vitis*) 植物、精子・さび孢子世代をアワブキやミヤマハハソ等のアワブキ属 (*Meliosma*) 植物上で経過する異種寄生種と認識されていた。ブドウ科のツタやノブドウ上にはそれぞれ *P. vitis* と *P. ampelopsidis* が、アワブキやミヤマハハソ上には、同種寄生性の *P. meliosmae* が寄生することが知られていた。Chatasiri and Ono (2008)は、ブドウ科およびアワブキ属植物に寄生する *Phakopsora* 属菌の分子系統解析を行った。その結果、*P. vitis* と *P. ampelopsidis* はそれぞれ単独のクレードを形成するものの、*P. euvitidis* と *P. meliosmae* 内には隠蔽種が、さらにはミヤマハハソ上にこれまで知られていなかった集団 (*Aecidium* sp.) が存在することを明らかにした。しかし、*P. vitis* と *P. ampelopsidis* 以外の集団の分類学的位置づけは未確定のままであった。そこで著者は、分子系統解析に加え、生活環や寄生性の解明および形態形質の比較を行い、ブドウ属およびアワブキ属に寄生するこれら *Phakopsora* 属菌の分類学的位置づけを明らかにした。

第2章では、アワブキ属上の同種寄生種について検討を行った。Chatasiri and Ono (2008)の分子系統解析結果により、アワブキ上の集団とミヤマハハソ上の集団がそれぞれ異なるクレードを形成することが示されていた。著者は、接種試験および全孢子世代の詳細な形態比較を行い、この2つの集団の寄生性が明確に分化していること、および明確な形態的差異があることを明らかにし、この2集団を独立した種と結論した。ミヤマハハソ上の集団を *Phakopsora orientalis* Chatasiri, Pota & Y. Ono として新種記載し、アワブキ上の集団を *P. meliosmae* としてその記載の修正を行った。

第3章では、ブドウ属およびアワブキ属に寄生する異種寄生種と考えられる集団について検討を行った。著者は、まず、Chatasiri and Ono (2008)が使用した試料に加え、これまで *P. euvitidis* と同定されていた日本産のヤマブドウ上の菌、および台湾、タイ、マレーシア、インドネシアなどの亜熱帯、熱帯地域の栽培ブドウ上の菌を供試し、rDNA の 5.8S 領域、Internal transcribed spacer 2 領域および 28S large subunit

のD1/D2領域を用いた分子系統解析を行なった。その結果、Chatasiri and Ono (2008)同様、この菌群は7つのクレードに分かれ、そのうち、*P. euvitis* と同定されていた集団は3つのクレードに分かれることが示された。クレードIは、日本と台湾の栽培ブドウ上の夏孢子・冬孢子世代とアワブキ上の精子・さび孢子世代、クレードIIはヤマブドウ上の夏孢子・冬孢子世代とミヤマハハソ上の精子・さび孢子世代、クレードIIIは熱帯、亜熱帯地域の栽培ブドウ上の夏孢子・冬孢子世代のみ知られる集団から構成された。さらに、クレードIIIは、地域ごとに3つのサブクレード（タイ、マレーシア-インドネシア、東チモール-オーストラリア）に分かれることを明らかにした。

次に、著者は、接種試験によりクレードIIの集団が、ヤマブドウとミヤマハハソの間を宿主交代することを確認し、Chatasiri and Ono (2008)が検出したミヤマハハソ上の*Aecidium* sp.は、これまで*P. euvitis* と同定されていたヤマブドウ上の集団の精子・さび孢子世代であることを明らかにした。この集団は、Ono et al. (2012)により、さび孢子世代の形態的特徴が*P. euvitis* とは異なることが明らかにされ、*P. montana* Y. Ono & Chatasiri として新種記載された。

また著者は、クレードIIIの熱帯、亜熱帯地域の集団の位置づけを明らかにするため、クレードI-IIIの夏孢子・冬孢子世代の形態的特徴を比較した。しかし、この孢子世代には顕著な形態的差異は認められなかった。著者は、クレードIIIの集団も独立した種であろうと推測しているが、これまでの研究成果から、精子・さび孢子世代の形態的特徴がこの菌群の種識別に重要であると考えており、この集団の精子・さび孢子世代を発見し、十分な比較を行った後に種の記載をするべきと結論した。

以上のように、著者は、分子系統解析により検出されたブドウ属およびアワブキ属植物に寄生する*Phakopsora* 属菌5集団について分類学的検討を行い、それらが独立した種であると結論した。そのうちの4種は、生活環、寄生性、形態的特徴により明確に識別できることを明らかにした。また、これまで東アジアからオーストラリアに分布するブドウさび病菌は同一種と考えられていたが、少なくとも3種に分かれることを明らかにした。このうち、熱帯、亜熱帯地域に分布する集団については、今後生活環を解明し、精子・さび孢子世代の寄生性や形態的特徴を比較し、分類学的な位置づけを再検討すべきであるとの見解を示した。

審 査 の 要 旨

著者は、本研究によりブドウさび病菌*Phakopsora euvitis*や近縁種の*P. meliosmae*など、これまで形態的特徴から同種と考えられていた集団内に分子系統解析の結果検出された隠蔽種や未知種が、寄生性の違いや詳細な形態比較によって、それぞれ別種として識別可能であることを明らかにした。一般的に、寄生性のような生理学的性質を分類形質として利用することは好ましくないと考えられていたが、生活環や宿主に対する寄生性の違いが、絶対寄生菌であるさび病菌の場合は種の識別に有効であることを示すとともに、生物学的種の分化に大きな影響を与えていることを示唆する重要な研究成果と考えられる。夏孢子・冬孢子世代が重要病害を引き起こす病原菌として知られるさび病菌の場合、中間宿主上での精子・さび孢子の形態や寄生性に関する特徴は、これまで軽視される傾向にあったが、本研究の成果により、その重要性が改めて認識されることとなった。これらの成果は、さび病菌を初めとする植物寄生菌の分類学の発展に大きく貢献すると評価することができる。また、これまで*P. euvitis*1種と考えられていたブドウさび病菌は、少なくとも3種に分かれ、それぞれに宿主に対する寄生性が異なること、地域によって分布する集団が異なることを明らかにした。このような、さび病菌の分類、生態、生理に関する正確な基礎的情報は、さび病の防除を考える上で重要であり、本研究成果の応用分野への貢献も極めて大きいと考える。

平成28年12月26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学力の確認を行い、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。