

氏名(国籍)	鍾 ^{しょう} 文 ^{ぶん} 鑫 ^{きん} (台湾)
学位の種類	博士(農学)
学位記番号	博甲第3340号
学位授与年月日	平成16年3月25日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当
審査研究科	農学研究科
学位論文題目	Morphological and Molecular Phylogenetic Studies of Three <i>Uromyces</i> Species on Legumes in Japan (マメ類に寄生する日本産 <i>Uromyces</i> 属さび菌3種の形態と分子系統に関する研究)
主査	筑波大学教授 農学博士 柿 蔭 眞
副査	筑波大学教授 農学博士 河 野 義 明
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 増 征 二
副査	茨城大学教授 Ph. D. 小 野 義 隆

論文の内容の要旨

マメ科植物に寄生する *Uromyces viciae-fabae*, *U. appendiculatus* および *U. vignae* は世界に広く分布している重要な植物病原菌であり、これらによる栽培マメ類の被害も多大である。*Uromyces viciae-fabae* は夏胞子壁の厚さに基づいて var. *viciae-fabae* と var. *orobi* の2変種に分類されている。しかしながら、var. *orobi* の夏胞子壁の厚さの記載は研究者により異なり、また、これらの2変種は形態学的特徴が類似し、識別することは非常に困難である。このため、それぞれの変種の宿主植物についても混乱がある。一方、*U. appendiculatus* および *U. vignae* については夏胞子の発芽孔の位置が分類基準とされているが、これら2種の形態学的境界は明確ではない。このことから、これら2種は同一種として扱われたこともある。また、日本では、*U. appendiculatus* には3変種が報告されている。これらの変種の識別には冬胞子の大きさおよび夏胞子の大きさが用いられているが、形態的識別は非常に困難である。以上のことから、上記3種については、分類学的再検討の必要がある。

そのため、本研究では、*U. viciae-fabae*, *U. appendiculatus* および *U. vignae* の分類学的再検討の一環として、これらの3種のさび菌の標本を日本各地から収集し、光学顕微鏡および走査型電子顕微鏡を用いて、夏胞子と冬胞子の形態学的特徴を明らかにするとともに、rDNA LSU (D1/D2) 領域および ITS 領域の塩基配列による分子系統学的解析を行った。そして、形態学的情報と分子学的情報を総合して、これらの分類学的考察を行った。

(1) *Uromyces viciae-fabae*

日本国内各地から収集した *Vicia* 属7種、*Lathyrus* 属4種および *Pisum* 属1種を宿主植物とする乾燥標本94点を用いて、形態学的観察を行った結果、これらの標本は、夏胞子の形、発芽孔の数とその位置および表面構造、冬胞子の形および表面構造により類別することはできなかった。さらに、夏胞子および冬胞子の量的形質を用いて主成分分析を行った結果、標本を類別することはできなかった。従って、夏胞子および冬胞子の形態学的特徴に基づく、*U. viciae-fabae* の標本の類別は不可能であることが明らかになった。形態観察に使用した標本の中から23点を選んで分子系統学的解析を行った結果、これらの標本は同一のクレードを形成することが明らかになった。

以上の結果、日本産 *U. viciae-fabae* には形態的および分子的に異なる集団は認められず、同一の分類群と考えられた。さらに、夏胞子壁の厚さを含む形態的特徴は var. *viciae-fabae* の記載と類似しているため、日本産の標本は var. *viciae-fabae* とするが妥当と考えられる。なお、var. *orobi* は var. *viciae-fabae* より夏胞子壁の壁が厚いことが報告されているため、日本には分布しないと考えられる。

(2) *Uromyces appendiculatus* および *U. vignae*

日本国内各地から収集した *Phaseolus* 属 2 種、*Vigna* 属 5 種、*Apios* 属 1 種、*Lablab* 属 1 種および *Dunbaria* 属 1 種を宿主植物とする乾燥標本 225 点を用いて、形態学的観察を行った。全ての標本の夏胞子および冬胞子の表面構造は類似していた。また、夏胞子と冬胞子の大きさを用いて分散分析を行った結果、これらの 2 種とされている標本を類別することはできなかった。しかし、夏胞子の発芽孔の位置および冬胞子壁の厚さの平均値を用いて分散分析を行った結果、これらの標本は 3 グループに類別することができた。このことから、夏胞子の発芽孔の位置と冬胞子壁の厚さは分類形質として利用できることが示された。なお、形態学的グループと宿主植物には、明確な関連性は認められなかった。形態観察に使用した標本の中から 45 点を選んで分子系統学的解析を行った結果、D1/D2 領域を用いた分子系統学的解析では、これらの標本は 2 グループに分かれた。2 つの D1/D2 グループの一方は形態学的グループとの対応関係が認められたが、もう一方には 2 つの形態学的グループの標本が含まれていた。また、*U. appendiculatus* とされている標本は 2 つの D1/D2 グループに分散し、*U. vignae* とされている標本は 1 つの D1/D2 グループのみに含まれていた。ITS 領域の解析では、これらの標本は 3 グループに分かれた。それぞれの ITS グループの標本は、形態学的グループとの対応関係が認められた。また、*U. appendiculatus* とされている標本は 3 つの ITS グループに分散し、*U. vignae* とされている標本は 1 つの ITS グループのみに含まれていた。

以上の形態観察結果と系統解析結果との関係を検討したところ、日本産 *U. appendiculatus* および *U. vignae* とされている標本は、3 グループに類別するのが妥当と考えられた。これらのグループの形態学的特徴をもとに分類学検討を行った結果、これらの 3 グループは *U. appendiculatus*、*U. azukicola* および *U. vignae* の 3 種とすることが妥当であると考えられる。

審 査 の 結 果 の 要 旨

マメ科植物に寄生する *Uromyces viciae-fabae*、*U. appendiculatus* および *U. vignae* の 3 種は、は世界に広く分布し、栽培マメ類の被害も多大で、重要な植物の病原菌である。これらは、形態的に類似しているため、識別が難しく、また、研究者により、分類システムも異なっているため、分類学的再検討が必要とされていた。そのため、本研究は、これら 3 種の分類学的研究の一環として、多数の標本を日本各地から収集し、形態学的特徴を再検討するとともに、rDNALSU (D1/D2) 領域および ITS 領域の塩基配列による分子系統学的解析により、分類学的考察を行ったものである。その結果、*U. viciae-fabae* については、形態的および分子的に異なる集団は認められず、同一の分類群であることが明確となり、したがって、現在の変種の取り扱い、妥当性がないことを明らかにしている。また、形態が互いに類似している *Uromyces appendiculatus* および *U. vignae* については、形態観察結果と系統解析結果との関係を検討したところ、これら 2 種は、3 グループに類別するのが妥当であり、これらについては、分類システムの再構築が必要であると結論している。

以上のように、本研究は、形態的再検討と分子系統学的解析により、栽培マメ類の重要な病原菌であるさび菌 3 種の分類システムの再構築の必要性とその方向性を明らかにしたことで、大変高く評価される。また、本研究は、さび菌の系統分類学に大きな貢献をもたらすとともに、病害防除にとっても、その基礎研究として大変価値の高いものであると判断される。

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。