

(資源循環学専攻長 木佐貫 博光



(副専攻長 梅崎 輝尚



学位論文審査の結果の要旨

氏 名	西川 盾士										
審査委員	<table border="0"> <tr> <td>主 査</td> <td>教 授</td> <td>中島 千晴</td> <td rowspan="3"></td> </tr> <tr> <td>副 査</td> <td>教 授</td> <td>松井 宏樹</td> </tr> <tr> <td>副 査</td> <td>教 授</td> <td>松田 陽介</td> </tr> </table>	主 査	教 授	中島 千晴		副 査	教 授	松井 宏樹	副 査	教 授	松田 陽介
主 査	教 授	中島 千晴									
副 査	教 授	松井 宏樹									
副 査	教 授	松田 陽介									
論文題目 (題目変更の有無) 有 ・ 無	<p>Integrated species recognition of the genus <i>Alternaria</i>. 統合的概念による<i>Alternaria</i>属菌の種の類別</p>										
<p>(論文審査の結果の要旨)</p> <p><i>Alternaria</i>属菌は、環境中に最も普遍的に存在する菌類の一つとして知られる一方、主に植物への寄生性を有する種によって構成される菌群である。特に野菜・花卉類において種子伝染性が認められることから、植物医科学上の重要度は高い。本属菌の分類体系においては、分生子の形態およびその形成様式が主な指標とされてきたが、本属の形態的変異性と多型性によって種の類別が困難である。さらに、宿主植物の違いのみによって提案された種も少なくなく、分類上のみならず実用上においても多くの混乱を招いている。近年では分子系統解析に基づいた本属と類縁属の大幅な再編、ならびに種の整理が進められたが、未だなお分類と宿主範囲の関係については明らかでない。また、日本産種の網羅的な研究は行われておらず、その多様性も明らかではない。そこで本研究では、まず日本産<i>Alternaria</i>属菌の採集・調査により得られた単孢子由来の分離菌株85点について、分生子の形態およびその形成様式の観察、培養性状の調査、ならびに抽出したDNAよりITS領域、<i>actin</i>, <i>Alt-a 1</i>, <i>endoPG</i>, <i>gapdh</i>, <i>RPB2</i>, <i>tefl</i> 遺伝子コード領域の部分塩基配列を得て分子系統解析を行なった。加えて、接種試験に基づく病原性(宿主範囲)を検証することにより、種の境界をより実用的に再定義することを目的とし、これらの指標を統合的に用いる分類学的研究を行なった。</p> <p>本属種内の多型性を明らかにするため、宿主植物属の異なる<i>A. cinerariae</i>菌株について、詳細な形態的特徴の比較観察を行なった。その結果、分生子の連鎖数やその細胞の膨潤によるサイズ、および厚膜胞子の形成等について明瞭な菌株間差異を認め、本属同一種内における形態的変異幅の広さを示した。なお、本種の宿主範囲は、キク科のひとつの連(サワギク連)に限定的で、病原学的にも興味深い結果が示された。</p>											

品種特異的な毒素産生能を有し、*Alternaria*属でも特に宿主特異性の高い病原菌のひとつであるイチゴ黒斑病菌について、分類学的再検討を行なった。本病菌の分類学的所属は混乱していたが、形態学的観察と分子系統解析の結果、本病菌は同じく一部のニホンナシ品種のみに病原性を有するナシ黒斑病菌と同一の形態種、即ち*A. gaisen*であることが示された。本種のepitypeを新たに指定し再記載を行なうとともに、本種内にイチゴとニホンナシ病原それぞれに対応する分化型を提案した。

同様の手法を用いて、収集した日本新産種4種 (*A. alstroemeriae*, *A. celosiicola*, *A. crassa*, *A. petroselini*) について、統合的概念による種の類別の適用を検討した。これらの接種試験に基づく宿主範囲は、属に限定的であるもの、近縁な複数の亜科あるいは連に選択的な寄生性を有するもの、1つの科内に幅広く病原性を有するもの等、それぞれの宿主植物系統と多様な寄生関係を有することが示された。これらの結果より、これまで知られていない各病原菌の潜在的な宿主が示され、また類似種との異同に関する有用な基礎資料が得られた。

さらに解析の幅を広げ、既知種に関しても、近縁種や形態的類似種、および共通宿主を持つ種を中心に、統合的概念による種間の分類学的異同について論じた。特に、*A. gomphrenae*と*Alternantherae*節を構成するヒユ科植物への寄生菌群は、宿主範囲が菌群構成種間で明瞭に分化していることを明らかにした。一方、*A. brassicae*, *A. brassicicola*, および*A. japonica*は、形態学および分子系統学的にもそれぞれ独立種として定義できるが、アブラナ科植物に対する寄生性の分化は明瞭でなかった。このほか5種についても、接種試験の結果を基にそれぞれの潜在的な宿主を示唆するとともに、分類上の異名関係の整理を行なった。

以上、本研究で検討した日本産狭義*Alternaria*属菌は、本属内の14の節と2種のmonotypic lineageに系統学的に類別され、新種3種および日本新産種5種を含む26種、2分化型を提案し、記載した。また、既知種5種についてlectotypeあるいはepitypeをそれぞれ新たに指定、公的標本庫および菌株保存機関へ寄託した。また、広範な接種試験の結果、*Alternaria*属菌のうち植物に病原性を有する種については、植物属、連、科などの宿主植物の系統群に沿った明瞭な宿主選択性が認められ、病原性を指標にした種の類別は分子系統解析結果をよく反映することを確認した。この形態的特徴、分子系統解析、および宿主範囲に基づく統合的な種概念は、*Alternaria*属菌の種の境界をより鮮明にし、本属菌の種概念を再定義するものである。