

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 Wellyzar Sjamsuridzal

担子菌酵母の分類はこれまで形態と生理学的性質に基づくものであった。しかし、DNAレベルの比較により、いくつかはその多系統性が指摘されている。酵母時代を有する担子菌類は系統的に多岐にわたり、担子菌類を構成する3つの系統群（サビキン類、クロボキン類、帽菌類の系統群）すべてに分布している。その分類体系の構築には多相分類学的なアプローチが不可欠である。本研究は、多相分類学的アプローチによりいくつかの担子菌酵母の系統進化的な解析を行ったもので5章より成る。第1章では本研究の背景について述べている。

第2章ではサビ菌類酵母の多相分類学的解析について述べた。タイの生きた植物の葉の表面より分離された4株のサビ菌類酵母（33-1A-1, 36-2A, 36-2B, 18-2A）は担子菌の特徴を持つ。ジアゾニウムブルーB（DBB）呈色反応およびウレアーゼ試験陽性、内分芽型出芽、多層細胞壁、そして隔壁を持つ後担子器に冬胞子を形成する。さらに、分子系統学的解析によると、33-1A-1, 36-2A, 36-2Bの3株は *Rhodotorula minuta* コンプレックスおよびテレオモルフ種 *Occultifur externus* の系統群内において独立した系統を形成した。これら3株の特徴である主要糖組成としてグルコースを有することと主要ユビキノ系Q-9を持つことは *R. minuta* や *O. externus* には見られない。33-1A-1株は他の2株とは LSU rDNA の D1/D2 領域で2塩基、ITS 領域で4塩基の違いがあり、また菌体糖組成、炭素源の資化性のパターンに違いが見られたことより、これらは別種と考えられた。36-2A株と36-2B株は SSU、LSU rDNA、ITS 領域で同一塩基配列を持つことから、同種と考えられた。18-2A株は *R. minuta* と近縁であったが、*R. minuta* の基準株と LSU rDNA の D1/D2 および ITS 領域でそれぞれ3塩基の違いがあった。以上の結果に基づき、上記4株に対し *Rhodotorula* 属の新種とすることを提唱する。これら4株はテレオモルフ時代を有することが示唆されたので、さらに有性時代の有無を確認することが必要である。

次に、核 SSU rDNA 塩基配列に基づくシダ植物寄生性サビキンの系統学的位置の解明について述べた。サビキン類はこれまで宿主植物と共進化をとげたものと推定され、シダ植物に寄生する属が現存するサビキンの中で最も原始的であると考えられてきた。本研究ではシダ寄生サビキンとシダに寄生しないサビキンの核 SSU rDNA の塩基配列を決定し、それらを比較することによりサビキン類の系統学的関係を解析した。系統樹によると、サビキン類は単系統であり、サビキン類系統に属する他の腐生性の酵母と系統群を形成した。シダ寄生サビキンはサビキン類系統樹の初期に分岐した位置を占めてはいないことより原始的ではないと考えられる。寄生菌類の系統進化と宿主植物の系統進化は一致しないことより、寄生菌類とその宿主植物は独立に進化してきたと考えられた。この研究より、主としてその宿主

植物、形態、生活環に基づいて推定されたシダ寄生サビキンがサビキンの中で最も原始的であるという系統学的な仮説は見直さなければならぬと考える。

第3章では分子および形態的特徴によるクロボキン類における *Graphiola phoenicis* および *G. cylindrica* の系統学的関係について述べた。Graphiolales はヤシに寄生し生息域は熱帯および亜熱帯に限られる。*Graphiola* の系統学的位置は主として形態学的データに基づいて色々とその分類学的位置を変えてきた。本研究で両菌種の核 SSU rDNA 塩基配列を決定し、系統樹を作成したところ、この2種はクロボキン類の中でお互い最も近縁であった。しかし、形態的特徴から、*G. cylindrica* は *Graphiola* 属より除くべきことが示唆された。

第4章では “*Taphrina*” *californica* CBS374.39 と “*Taphrina*” *maculans* CBS427.69 の系統学的位置について述べている。両株は DNA レベルおよび表現形質が担子菌類の性質を示した。すなわち、DBB 呈色およびウレアーゼ試験陽性、内分芽型出芽、多層細胞壁、主要ユビキノン Q-10、さらに細胞壁糖組成としてキシロースを含んでいた。分子系統学的解析の結果、両株は互いに近縁であり、帽菌類のシロキクラゲ菌類と系統群を形成した。すなわち、両株は古生子囊菌類の *Taphrina* に属さない。LSU rDNA の D1/D2 領域の塩基配列比較によると、両株はシロキクラゲ菌類の酵母 *Trimorphomyces papilionaceous* に最も近縁であった。両株は SSU rDNA が同一配列であり、LSU rDNA D1/D2 領域において1塩基の違いであったことより、同一種と考えられる。

第5章は考察である。

以上、本論文は多相分類学の方法により酵母時代を有する担子菌類の系統関係を明らかにしたもので、学術上、応用上、貢献するところが少なくない。よって審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。