

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 松下 範久

ならたけ病は、樹木の根および根株を侵して宿主を衰弱・枯死に至らせる樹木病害で、世界各地で猛威をふるい、わが国においてもカラマツやヒノキなどの林業上の主要な樹種に対して甚大な被害をもたらしている。本病の病原菌は、ナラタケ(*Armillaria mellea* (Vahl: Fr.) Kummer) 1種であるとされていたが、近年、ナラタケが複数の生物学的種の集合体であることが明らかにされた。しかし、わが国においては、生物学的種9種の存在が明らかにされているものの、その病原性や生理・生態的性質は依然として明らかでない。

本論文は、日本産ナラタケ属菌類について、分子分類に基づいて識別し、その生理・生態的性質を明らかにしたもので、4章よりなっている。

第1章は、序論にあてられ、わが国および世界のナラタケ属菌類の生物学的種とならたけ病被害について既往の研究成果がとりまとめられている。

第2章では、ナラタケ属菌類の生物学的種について、まず、形態的識別と人工培養基上における子実体形成方法、アイソザイムパターンおよびRFLP分析による種の識別法について明らかにされた。

人工培養基上での子実体形成には、大麦とブナ鋸屑から成る培地を用いることにより、*A. gallica*、*A. ostoyae*、*A. mellea*、*A. tabescens*の子実体を形成させることが可能となった。また、子実体形成が誘導される最適温度は種により異なっており、それぞれ18℃、13~18℃、13℃、23~28℃であった。

アイソザイムパターンによる種の識別では、*A. mellea*の7菌株について25種類の酵素のアイソザイムパターンを調べた結果、グルタミン酸脱水素酵素(GDH)、乳酸脱水素酵素(LDH)、アスパラギン酸アミノ基転移酵素(AAT)の3酵素のバンドパターンが明瞭で種内変異は見られなかったことから、日本産ナラタケ属7種68菌株についてこれらのアイソザイムパターンを調べた。その結果、GDHとLDHのアイソザイムパターンは、日本産ナラタケ属菌類の簡便な識別方法になり得るものと考えられた。

一方、PCR(polymerase chain reaction)法により増幅したrDNAのIGS1領域のRFLP分析を行った結果、制限酵素Alu I、Msp I、あるいはHae IIIの切断パターンを組み合わせる用いて、日本産ナラタケ属菌類の82菌株の種を識別することができた。また、乾燥標本、根状菌糸束、腐朽材などの様々な試料についても本法を用いて種を同定することが可能であったことから、IGS1領域のPCR-RFLP分析による種の識別方法は日本産ナラタケ属菌類の種を同定するための最も簡便かつ明瞭な方法になり得るものと考えられた。

第3章では、ならたけ病被害面積が600ha以上に及ぶ青森県東北町のアカマツ造林地におけるナラタケ属菌類の生態について、種組成、ジェネットの分布様式、およびナラタケ属菌類の病原性について明らかにされた。

被害林分内に50m×100mの調査地を設定して精査した結果、*A. gallica*、*A. ostoyae*、*A. mellea*の3種が調査地内に分布し、前者2種が調査地内のほぼ全域にわたって優占していた。被害林分におけるナラタケ属菌類のジェネットの分布様式は、*A. gallica*と*A. ostoyae*では複数のジェネットが同種内のジェネット同士ではお互いにほとんど重なり合わずに分布していた。このことから、同種内のジェネット同士は生態的地位が一致するためにジェネット間で競争が生じているものと推測された。また、これらのジェネットは最大幅が70-80mに達する大きさのものが存在していたことから、これらの2種では、毎年大量の胞子を散布しているにもかかわらず、無性的に分布域を拡大しているものと考えられた。

アカマツの苗木に対する接種試験の結果、*A. ostoyae*はアカマツやスギに対する病原性が強く、本被害地の主要な病原菌であると考えられた。また、*A. mellea*は*A. ostoyae*よりは病原性が弱いものの、本被害の病原菌の1種であると推測された。

第4章では、わが国および世界のナラタケ属菌の分類および生理・生態的性質について総合的に考察された。

以上を要するに、本論文は分子分類に基づき日本産ナラタケの生物学的種の識別法を確立し、その生理・生態的性質について明らかにしたもので、学術上、応用上、貢献することが少なくない。よって審査委員一同は、本論文が博士（農学）の学位を授与するにふさわしいと判断した。