

[別紙 2]

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 高橋 由紀子

ブナ科樹木萎凋病は、カシノナガキクイムシ *Platypus quercivorus* の集中穿孔（マスマタック）によって樹体内に持ち込まれる病原菌 *Raffaelea quercivora* によって引き起こされる萎凋病である。1980 年以降、本州日本海側地域を中心に、本病によるナラ類集団枯死被害が多発しており、本病の防除方法の確立が急務の課題となっているが、本病の病原菌の伝搬機構や枯死機構は十分解明されていない。本研究では、分子生態学的手法を用いて、ナラ類集団枯損被害林分における病原菌とカシノナガキクイムシ両者の遺伝的構造を解析し、両者の連関と本病の伝搬過程を明らかにしている。さらに、解剖病理学的手法を用いて、本病の特徴である宿主の水分通道障害の進行と病原菌の樹体内動態との関係を明らかにしている。

第一章では、ブナ科樹木萎凋病の歴史とこれまでの研究を総括している。

第二章では、ナラ類集団枯損被害林分における病原菌とカシノナガキクイムシ両者の遺伝的構造を解析している。まず、両者のマイクロサテライト（SSR）マーカーを作製し、それらを用いて、坑道内の菌株の分布と、愛知県から福島県に渡る 4 箇所の試験地に同所的に生存する病原菌とカシノナガキクイムシ集団の遺伝的構造を、樹木個体内のミクロスケールから被害地域全体のマクロスケールまでの様々なレベルで解析し、以下のような結果を得ている。まず、6 本のカシノナガキクイムシ坑道内から分離した病原菌の遺伝子型を同定した結果、いずれの坑道においても遺伝子型の異なる菌が複数存在していたこと等から、カシノナガキクイムシの雌が複数の遺伝的に異なる病原菌を保持しており、樹体内に穿孔した 1 匹の雌成虫により遺伝的に多様な菌が坑道内に持ち込まれることを明らかにしている。次いで、病原菌とカシノナガキクイムシについて、樹木個体、林分、調査地の各スケールを集団単位として遺伝的構造を解析した。その結果、愛知以外の病原菌とカシノナガキクイムシ個体群では、どのスケールでも遺伝的分化はないが、それらと愛知県の集団とはともに遺伝的に分化していることが解った。この結果は、病原菌とキクイムシともに、飛騨山脈などが地理的障壁になっていることを初めて示す成果である。

第三章では、病原菌の樹体内動態を調べている。本病の萎凋症状発現機構については、これまで宿主の通道障害域の発生過程と宿主の防御反応に主眼が置かれてきたが、本病の主因である病原菌の樹体内動態は、菌糸の検出が困難であったためほとんどわかっていない。本研究では、FITC 標識コムギ胚芽レクチン（F-WGA）による菌糸の特異的染色法を用いて、苗木に接種した病原菌の樹体内分布を詳細に観察し、宿主の通道障害域と防御反応と病原菌菌糸動態との関係を調査している。ミズナラ樹体内の菌糸分布を観察した結果から、以下のようなミズナラ樹体内における病原菌の動態を明らかにしている。すなわち、

①病原菌を接種すると、チロースの形成時期が早まる。②病原菌は、樹体内に侵入後、道管内を垂直方向に伸長するとともに、道管に接する放射組織を水平方向に伸長する。③リグニン・スベリン様物質やフェノール類などの蓄積といった動的防御反応が遅れる。④菌糸分布の拡大に伴い通道障害域が拡大する。一方、他の樹種でもこれらの反応を調べ、ミズナラと比較を行いその違いと病原菌に対する感受性の違いを考察している。

第四章では、以上の結果をもとに、ブナ科樹木萎凋病の進展機構について、総合的な考察を行っている。

以上のように本研究では、ブナ科樹木萎凋病病原菌の伝搬様式および樹体内動態に関して、新知見が得られている。とりわけ、病原菌と媒介昆虫が広い範囲で遺伝的に交流しているが、飛騨山脈等の地理的障壁で交流が阻害されていること等の新知見は、防除法を考える上での重要な示唆を与えるものである。また、樹体内動態の研究で、菌糸の分布拡大が通道障害の拡大をもたらす過程が明らかになった点も、本病害の病理を理解する上では、重要な新知見である。以上のように、得られた知見は独創的、先駆的でありかつ応用的意義も大きい。従って、本研究は応用上、学術上の貢献が極めて大きく、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。