

[別紙 2]

## 論文審査の結果の要旨

申請者氏名 長谷川 絵里

「ならたけ病」は、世界の森林に大きな被害を与えている根系腐朽病害の一つである。我が国でも、林業的価値が高い針葉樹に被害が出ることから、その実態の把握が重要となっている。「ならたけ病」の病原であるナラタケ属菌は、汎世界的に分布し、日本でもこれまでに約 10 種のナラタケ属菌が報告されているが、病害把握のためにも、それらの種の簡便でかつ解像度が高い識別法と、それによるそれぞれの種の生態的特徴の把握が必要となっていた。こうした背景のもとで、本論文では、ナラタケ属菌の分類の歴史を全般的に概括し、その上で、これまでの日本産ナラタケ属菌種の識別方法について、実用上の見地から検討を加え、新たな改良法を確立している。更にその種の識別方法に基づき、日本の針葉樹に産するナラタケ属菌各種の生態を、採集データから明らかにしている。

第一章では、ナラタケ属の分類学的な位置付けと、従来からの種の識別法に関し、詳細にレビューしている。

第二章では、いくつかのタイプのマーカーを用いて、種が同定されている保存試料の塩基配列を決定し、それによる系統樹を作成した。それに基づき、日本産ナラタケの種識別には、従来用いられてきたリボゾーム RNA をコードする DNA クラスタ (rDNA クラスタ) の internal transcribed spacer (ITS) 領域、intergenic spacer (IGS) 領域の塩基配列を利用する分子系統学的な種識別法に比べ、EF-1 $\alpha$  遺伝子の DNA 配列を用いた方法を適用すると、より解像度の高いナラタケ属菌種の識別が可能になることを明らかにしている。

第三章では、日本の針葉樹に産するナラタケ属菌の生態を解明するため、子実体・菌糸膜・根状菌糸束・腐朽材片・単胞子を分離源とし、日本の主要な造林樹種 6 種を含む 19 種の針葉樹から 65 菌株を採集した。次いで、分離菌株とテスター菌株との交配および EF-1 $\alpha$  遺伝子の DNA 配列により採集試料の菌種を同定し、採集時の位置、寄主および生育基質の記録に基づき、同定された日本産ナラタケ属菌各種の分布・寄主選好・潜在的な病原性を解析した。その結果、分布については、採集地の暖かさの指数から、*A. sinapina* は寒冷地に、*A. mellea* は温暖地に出現する傾向を見いだしている。なお、北海道より南に分布する *A. sinapina* を見いだしているが、これは初めての知見である。寄主選好性については、*A. sinapina* が亜高山のシラベ・オオシラベに、*A. ostoyae* および *A. cepistipes* は広い範囲の樹種に、*A. mellea* はヒノキを特異的に

選好することを明らかにしている。さらに、病原性に関しては、菌株分離場所の基質の状態をもとに、我が国のナラタケ属菌のうちでは、*A. mellea*、*A. ostoyae*、*A. cepistipes*、*A. tabescens* の四種が、生立木に感染して衰弱・枯死させる能力が高いことを明らかにしている。一方、本章では、これらの菌の分布・寄主・病原性を、ヨーロッパもしくは北アメリカに産する同種のナラタケ属菌と比較し、日本産ナラタケ属菌種それぞれがもつ特徴の普遍性と特殊性も論じている。

以上のように本研究では、我が国の森林に大きな打撃を与える根系腐朽病害の病原である日本産ナラタケ菌に関し、実用的で解像度の高い種識別法を確立すると共に、病害防除上重要ないくつかの生態特性を明らかにしている。得られた知見は独創的、先駆的でありかつまた学術上、応用上の意義も大きく、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。